

日本国特許庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

PGT/JP99/06412

17.11.99

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日

Date of Application:

1998年11月17日

出願番号

Application Number:

平成10年特許願第326255号

出願人

Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

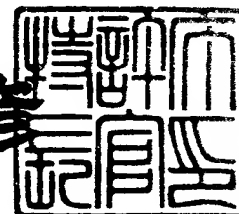
PRIORITY
DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2000年 1月 7日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

近藤隆彦



出証番号 出証特平11-3089613

【書類名】 特許願
 【整理番号】 S018179
 【提出日】 平成10年11月17日
 【あて先】 特許庁長官殿
 【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質及びそれをコードするDNA

【請求項の数】 6

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 近藤 聖

【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

【代表者】 棚井 丈雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質及びそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA。

【請求項 4】 配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の cDNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP02539	Saos-2	4485	647
2、12、22	HP02770	HT-1080	1509	350
3、13、23	HP02869	KB	3059	206
4、14、24	HP02956	KB	2367	213
5、15、25	HP02962	KB	2355	595
6、16、26	HP03014	肝臓	1024	264
7、17、27	HP10608	Saos-2	1237	343
8、18、28	HP10609	KB	1332	244
9、19、29	HP10611	KB	1932	303
10、20、30	HP10617	HT-1080	1124	160

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリー(WO98/11217)、手術によって摘出された肝臓組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用了。個々のライブラリーから完全長

cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液（キットに付属）0.5 μl、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2 μl、 [³⁵S] メチオニン（アマーシャム社）2 μl（0.37 MBq/μl）、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μlを添加して行なった。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー（125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μlを加え、95℃ 3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100 μg/mlアンピシリン含有2xYT培地2 ml中で37℃ 2時間培養した後、ヘルパーファージM1

3 K O 7 (50 μ l) を添加し、37℃で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを100 μ l の1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS 7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO₂存在下、37℃で培養した。1 × 10⁵個のCOS 7細胞を6穴プレート(ヌンク社、穴の直径3 cm)に植え、5%CO₂存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1 μ l、DMEM 培地0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3 μ l を懸濁したものを添加し、5%CO₂存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml 加え、5%CO₂存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [³⁵S] システインあるいは [³⁵S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地面分と細胞膜画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP02539> (配列番号1、11、21)

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP02539のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、188 bpの5' 非翻訳領域、1944 bpのORF、2353 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは647アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが、C末端側に6箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウス *frizzled-1* (GenBank アクセション番号 AF054623) と類似性を有していた。表 2 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とマウス *frizzled-1* (MM) のアミノ酸配列の比較を示す。- はギャップを、* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、90.4% の相同性を有していた。

【0029】

【表 2】

表 2

```

HP MAEEEAPKKSRAAGGGASWELCAGALSARLTEEGSGDAGRRRPPVDPRLARQLLLLLLW
    ****.*.*.*.* * * ****.*.*.*.* * * *.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*.*
MM MAEEAAPSESRAA-GRLSLELCAEALPGRREEVGHEDTASHRRPRADPRRWASGLLLLLLW
HP LLEAPLLLGVRAQAAGQGPQGPGPGQPPPPPPQQQSGQQYNGERGISVPDHGYCQPIS
    ***** ** .*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM LLEAPLLLGVRAQAA----GQVSGPGQAPPPPPQPPQSGQQYNGERGISIPDHGYCQPIS
HP IPLCTDIAYNQTIMPNNLLGHTNQEDAGLEVHQFYPLVKVQCSAELKFFLCSMYAPVCTVL
    *****.*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM IPLCTDMAYNQTIMPNNLLGHTNQEDAGLEVHQFYPLVKVQCSAELKFFLCSMYAPVCTVL
HP EQALPPCRSLCERARQGCEALMNKFGFQWPDTLKCEKFPVHGAGELCVGQNTSDKGTPTP
    *****.*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM EQALPPCRSLCERARQGCEALMNKFGFQWPDTLKCEKFPVHGAGELCVGQNTSDKGTPTP
HP SLLPEFWTSNPQHGGGGHRRGGFPGGAGASERKGFSCPRALKVPSYLNHFLGEKDCGAPC
    ***** *****.*.*.*.*.*.*****.*****.*****.*****
MM SLLPEFWTSNGQHGGGGYRGGYPGGAGTVERGKFSCPRALRVPSYLNHFLGEKDCGAPC
HP EPTKVYGLMYFGPEELRFSRTWIGIWSVLCCASTLFTVLTYLVDMMRFSYPERPIIFLSG
    *****.*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM EPTKVYGLMYFGPEELRFSRTWIGIWSVLCCASTLFTVLTYLVDMPRFSYPERPIISLSG
HP CYTAVAVAYIAGFLLEDVVCNDKFAEDGARTVAQGTKKEGCTILFMMLYFFSMASIIWW

```

```

*****
MM CYTAVAVAYIAGFLLEDVRVCNDKFAEDGARTVAQGTNKEGCTILFMMLYFFSMASIIWW
HP VILSLTWFLAAGMKWKGHEAIEANSQYFHAAWAVPAIKTITILALGQVDGDLVSGVCFVG
*****
MM VILSLTWFLAAGMKWKGHEAIEANSQYFHAAWAVPAIKTITILALGQVDGDLVSGVCFVG
HP LNNVDALRGFVLAPLFVYLFIGTSFLLAGFVSLFRIRTIMKHDGKTKEKLEKLMVRIGVF
*****
MM LNNVDALRGFVLAPLFVYLFIGTSFLLAGFVSLFRIRTIMKHDGKTKEKLEKLMVRIGVF
HP SVLYTVPATIVIACYFYEQAFRDQWERSWVAQSCSKSYAIPCPHLQAGGGAPPPMSPDF
*****
MM SVLYTVPATIVIACYFYEQAFRDQWERSWVAQSCSKSYAIPCPHLQAGGGVPPPPMSPDF
HP TVFMIKYLMTLIVGITSGFWIWSGKTLNSWRKFYTRLTNSKQGETTV
*****
MM TVFMIKYLMTLIVGITSGFWIWSGKTLNSWRKFYTRLTNSKQGETTV

```

【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA010020）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP02770>（配列番号2、12、22）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP02770のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、252bpの5'非翻訳領域、1053bpのORF、204bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは350アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量38,274よりや

や大きい42kDaの翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトRING亜鉛フィンガー蛋白質（GenBankアクセション番号AF037204）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトRING亜鉛フィンガー蛋白質（ZN）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、56.0%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MHPAAFPLPVVVAAVLWGAAPTRGLIRATSDHNASMDFADLPALFGATLS
	.***.*.***** ** *
ZN	MLLSIGMLMLSATQVYTILTVQLFAFLNLLPVEADILAYNFENASQTFDDLPAFGRYRLP
HP	QEGLQGFLVEAHPDNACSPIAPPPAPVNGSVFIALLRRFDCNFDLKVNAQKAGYGA
	.***.***.....*.***.***.*****.*.***.*****.*****.*** **.
ZN	AEGLKGFLINSKPENACEPIVPPPVKDNSSGTFIVLIRRLDCNFDIKVLNAQRAGYKAAI
HP	VHNVNSNELLMVWNSEEIQQIWIPIVSVFIGERSSEYLALFVYEKGARVLLVPDNTFPL
	****.*..*..* *..*..* *****.*..*..* *****.....***.*
ZN	VHNVSDDLISMGSDIEVLKKIDIPSVFIGESSANSLKDEFTYEKGGHLILVPEFSLPL
HP	GYYLIPFTGIVGLLVAMGAVMIARCIQHRKRLQRNRLTKEQLKQIPTHDYQKGDQYDVC
	.***** ***. ... **..*..*..* *****.*..*..* *****.....***. *****
ZN	EYYLIPFLIIVGICLILIVIFMITKFVQDRHRARRNRLRKDQLKKLPVHKFKKGDEYDVC
HP	AICLDEYEDGDKLRVLPCHAYHSRCVDPWLTQTRKTCPIKQPVHRGPGDED-QEETQ
	*****.***.***.*****.*..*..* *****.*..*..* *****.....***. *****
ZN	AICLDEYEDGDKLRILPCSHAYHCKVDPWLTCTKTKTCPVCKQKVVPSQGDSDSDTDSSQ
HP	GQEEGDEGEPRDHPASERTPLLGSSTPLPTSGSLAPAPLVFPGPSTDPLSPSSPVIL

...*.*.*.*

ZN EENEVTEHTPLLRPLASVSAQSFSGALSESRSRSHQNMTESSDYEDDNEEDTDSSDAENEINE

HP V

ZN HDVVVQLQPNGERDYNIAINTV

【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA434312）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP02869>（配列番号3、13、23）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP02869のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、229bpの5'非翻訳領域、621bpのORF、2209bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは206アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量22,367とほぼ同じ22kDaの翻訳産物が生成した。

【0036】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA278247）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0037】

<HP02956>（配列番号4、14、24）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP02

956のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、68bpの5'非翻訳領域、642bpのORF、1657bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは213アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量23,902とほぼ同じ22kDaの翻訳産物が生成した。

【0038】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトテトラスパンNET-4 (GenBankアクセション番号あF065389)と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトテトラスパンNET-4(TS)のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側119アミノ酸残基が、58.8%の相同性を有していた。

【0039】

【表4】

表4

HP

MHY

TS MSGKH YKGPEVSCCIKYFIFGFNVIFWFLGITFLGIGLWAWNEKGVLSNISSITDLGGFD

HP YRYSNAKVSCWYKYLLFSYNIIFWLAGVVFLGVGLWAWSEKGVLSDLTKVTRMHGIDPVV

TS PVWLFLVVGGMFILGFAGCIGALRENTFLLKFFSVFLGIIFLELTAGVLAFFVKDWIK

HP LVL MVGVV MFTLGFAGCVGALRENICLLNFNQCCGAYGPEDWDLNVYFNCSGASYSREKC

.. *****.*..**.*.*****... ***.*

TS DQLYFFINNNIRAYRDDIDLQNLIDFTQEYWQCCGAFGADDWNLNIYFNCTDSNASRERC

HP GVPFSCCVPDPAQKVNTQCGYDVRIQLKSKWDESIFTKGCIQALESWLPRNIYIVAGVF

*****.***..*.*****.*. . . . *.****.***.***.***.*
 TS GVPFSCCTKDP AEDVINTQCGYDARQKPEVDQQIVITKGCVPQFEKWLQDNLTIVAGIF
 HP IAISLLQIFGIFLARTLISDIEAVKAGHHF
 ..***** **..*.*****.*.
 TS IGIALLQIFGICLAQNLVSDIEAVRASW

【0040】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T05279）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP02962>（配列番号5、15、25）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP02962のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、19bpの5'非翻訳領域、1788bpのORF、548bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは595アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量67,549よりやや大きい70kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる85kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は23番目のアラニンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が4箇所（75番目Asn-Thr-Thr、153番目Asn-Gln-Thr、237番目Asn-Tyr-Thr、360番目Asn-Ser-Ser）存在する。

【0042】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、

ヒト仮想蛋白質K I A A 0 5 8 4 (G e n B a n k アクセション番号A B 0 1 1 1 5 6) と類似性を有していた。表 5 に、本発明のヒト蛋白質 (H P) とヒト仮想蛋白質K I A A 0 5 8 4 (K I) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、52.9%の相同性を有していた。

【0 0 4 3】

【表 5】

表 5

HP MRAARAAPLLQLLLLLGPWLEAAGVAESPL--PAVVLAILARNAEHS

* . . . **** * . * . . * . ***** . * . *

KI LAWSLLLLSSALLREGCRARFVAERDSEDDGEEPVVFPESPLQSPTVLVAVLARNAAHTL

HP PHYLGALERLDYPRARMALWCATDHNVDNTTEMLQEWLAAVGDDYAAVVRPEGEPRFYP

.* ** ***.* **.* **********.*.* **.* * * **.* **

KI PHFLGCLERLDYPKSRMAIWAATDHNVDNTTEIFREWLKNVQRLYHYVEWRPMDEPESYP

HP DEEGPKHWTKERHQFLMELKQEALTFAR-NWGADYILFADTDNILTNNQTLRLLMGQGLP

*** ** . . * . . *. *. *. *. ** *. * **** *. **. *** ** . . .

KI DEIGPKHWPTSRFAHVMKLRQAALRTAREKW-SDYILFIDVDNFLTNPQTLNLLIAENKT

HP VVAPMLDSQTYYSNFWCGITPQGYRRTAEYFPTKNRQRRGCFRVPMVHSTFLASLRAEG

*****. * . *****. * . * . * . * * ****. *****. *****. ** *

KI IVAPMLESRLYSNFWCGITPKGFYKRTPDYVQIREWKRTGCFVPMVHSTFLIDLRKEA

HP ADQLAFYPPHPNYTWPFDDI IVFAYACQAAGVSVHVCNEHRYGYMNPVVKSHQGLEDERV

• * • * • * * * • * * * • * * * * * * * • • • • • * * • • • • * * • * * * • * • * * * * • * • * * * • * • • • • •

KI SDKLTFYPPHQDYTWTFDDIIVFAFSSRQAGIQMYLCNREHYGYLPIPLKPHQTLQEDIE

HP NFIHLILEALVDGPRMQASAHVTRPSKRPSKIGFDEVFVISLARRPDRRERMLASLWEME

*. ** . . ** . * * . * . . * . . * * * . * * . * . * * * * . * . * * * * * . * * * . * . * *

KI NLIHVQIEAMIDRPPMEPSQYVSVVPKYPDKMGFDEIFMINLKRRKDRDRMLRTLVEQE

HP I SGRVVDAVDGWM LNSSAIRNLGVDLLPGYQDPYSGRTLTKGEVGCFLSHYSIWEEVVAR

*. . . *.**** **.*. . . *. . . *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *

KI IEVKIVEAVDGGKALNTSQLKALNIEMLPGYRDPYSSRPLTRGEIGCFLSHYSVWKEVIDR
 HP GLARVLVFEDDVRFESENFGRRLERLMEDVEAEKLSWDLIYLGRKQVN-PEKETAVEGLPG
 *. . . *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *

KI ELEKTLVIEDDVRFEHQFKKKLMDNIDQAQLDWELIYIGRKRMQVKEPEKAVPNVAN
 HP LVVAGYSYWTLAYALRLAGARKLLASQPLRRMLPVDEFLPIMFDQHPNEQYKAHFWPRDL
 ** *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *

KI LVEADYSYWTLGAVISLEGAQKLVGANPFGKMLPVDEFLPVMYNKHPVAEYKEYYESRDL
 HP VAFSAQPLLAAPTHYAGDAEWLSDTETSSPWDDSGRLISWGSQ--KTLRSPRLDLTGS
 ****.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *.****.****.*. . . *

KI KAFSAEPLLIYPHTYTGQPGYLSDTETSTIWDNETV-ATDWRTHAWKSRKQSRIYSNAK
 HP SGHSLQPQPRDEL
*.*

KI NTEALPPPTSLDTVPSRDEL

【0044】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA358896）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0045】

<HP03014>（配列番号 6、16、26）

ヒト肝臓 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP3014 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、26bp の 5' 非翻訳領域、795bp の ORF、203bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 264 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 6 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 28,471 よりやや大きい 31kDa の翻訳産物が生成した。

【 0 0 4 6 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウスWWドメイン結合蛋白質1（GenBankアクセション番号U40825）と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質（HP）とマウスWWドメイン結合蛋白質1（MM）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、85.1%の相同性を有していた。

【 0 0 4 7 】

【表 6】

表 6

HP MVASAKMGRAGTMAVAAELR

MM MARASSRNSSEEAWGSLQAPQQQQSPAASSLEGAIWRRAGTQTRALDTILYHPQQSHLLR

HP ELCPGVNNQPYLCESGHCCGETGCCTYYYELWWFWLLWTVLILFSCCCAFRHRRAKLRLO

*****.*****.*****

MM ELCPGVNTQPYLCETGHCCGETGCCTYYYELWWFWLLWTVLILFSCCCAFRHRRRAKLRLQ

HP QQQRQREINLLAYHGACHGAGPFPTGSLDLRFLSTFKPPAYEDVVHRPGTPPPPYTVAP

***** *****. ** *****. ***** *

MM QQQRQREINLLAYHGACHGAGPVPTGSLDLRLLSAFKPPAYEDVVVHHPGTPPPPYTVGP

HP GRPLTASSEQTCCSSSSCPAHFEGTNVEGVSSHQSAPPHQEGEPGAGVTPASTPPSCRY

* * *.*** * ***.***.*.*****.*** ***** **.*.*****

MM GYPWTTSSSECTRCSSSESSCSAHLEGTNVEGVSSQQSALPHQEGEPRAGLSPVHIPPSCRY

HP RRLTGDSGIELCPCPASGEGEPVKEVRVSATLPDLEDYSPCALPPESVPQIFPMGLSSSE

*****.*.****.*.*.*..*****.*****.**.*.....*

MM RRLTGDSGIELCPDSSERGEPLKEARASASQPDLEDHSPCALPPDSVSQVPPMGLASSC

HP GDP

MM GTSHK

【0048】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号W24575）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0049】

<HP10608>（配列番号7、17、27）

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10608のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、23bpの5' 非翻訳領域、1032bpのORF、182bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは343アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、5箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量40,584よりやや小さい37kDaの翻訳産物が生成した。

【0050】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T35406）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP10609>（配列番号8、18、28）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10609のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、38bpの5' 非翻訳領域、735bpのORF、559bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは244アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量27,756とほぼ同じ27kDaの

翻訳産物が生成した。

【0052】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト結核菌仮想蛋白質Rv1147 (GenBankアクセション番号Z95584) と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とヒト結核菌仮想蛋白質Rv1147 (MT) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、31.7%の相同性を有していた。

【0053】

【表7】

表7

HP MDILVPLLQLLVLLLTLPPLHLMALLGCWQPLCKSYFPYLMAVLTPKSNRKMESKKRELF

MT MTSGAAASASRVDHPLFARIWPVVAHEAEAIRAL

HP QIKGLTGASGKVALLELGGCTGANFQFYPPGC-RVTCLDPNPHFEKFLTKSMAENRHLQY

. **.* **.* *.*.*.*.*.* . *. *.*.*.*.* .. *.. ..

MT RRENLAGLSGRV--LEVGAGVGTFAYYPVAVEQVIAMEPEPRLAA-KARIAAADAPVPI

HP ERFVVAPGEDMRQLADGSMDVVVCTLVLCVQSPRKVLQEVRRVLRPGGVLFWEHVAEP

. . *.*.*.*.*.*.*.*.*.*.* *.*.*.*.*.*.*.*.* *.*.*.*.*.*..

MT -VVTDKTVEEFRD--TETFDVVCVSLVLCVSDPGAVLAHLRSLRRGGELRYLEHVASA

HP YGSWAFMWQQVFPTWKHIGDGCCLTRETWKDLENAQFSEIQMERQPPPLKW--LPVGP

*.. . . * .. ** *.* .. . * * * . . * * * ..

MT -GARGRVQRFVDATFWPRLAGNCHTHRHTERAILEDAGFVVDSSRREWAFPAWVPLPVSEL

HP IMGKAVK

.*.*.

MT ALGRAHRT

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T60981）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

<HP10611>（配列番号9、19、29）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10611のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、37bpの5' 非翻訳領域、912bpのORF、983bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは303アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量33,856よりやや小さい31kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、36kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は34番目のロイシンから始まると予想される。

【0056】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、C末端218アミノ酸残基がヒトグルコシダーゼII（SWISS-PROTアクセション番号Q06003）と一致していた。しかし、N末端側は類似性を示さなかった。

【0057】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H14054）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0058】

<HP10617>（配列番号10、20、30）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10617のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、72bpの5' 非翻訳領域、483bpのORF、569bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは160アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0059】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H67672）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0060】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0061】

【配列表】

【0062】

<110> Sagami Chemical Reserach Center,

Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130>

<160> 30

【0 0 6 3】

<210> 1

<211> 647

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met	Ala	Glu	Glu	Glu	Ala	Pro	Lys	Lys	Ser	Arg	Ala	Ala	Gly	Gly	Gly
1				5					10					15	
Ala	Ser	Trp	Glu	Leu	Cys	Ala	Gly	Ala	Leu	Ser	Ala	Arg	Leu	Thr	Glu
			20					25					30		
Glu	Gly	Ser	Gly	Asp	Ala	Gly	Gly	Arg	Arg	Arg	Pro	Pro	Val	Asp	Pro
			35					40					45		
Arg	Arg	Leu	Ala	Arg	Gln	Leu	Leu	Leu	Leu	Leu	Trp	Leu	Leu	Glu	Ala
		50				55					60				
Pro	Leu	Leu	Leu	Gly	Val	Arg	Ala	Gln	Ala	Ala	Gly	Gln	Gly	Pro	Gly
65					70					75				80	
Gln	Gly	Pro	Gly	Pro	Gly	Gln	Gln	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Gln	Gln	Gln
			85					90					95		
Gln	Ser	Gly	Gln	Gln	Tyr	Asn	Gly	Glu	Arg	Gly	Ile	Ser	Val	Pro	Asp
			100					105					110		
His	Gly	Tyr	Cys	Gln	Pro	Ile	Ser	Ile	Pro	Leu	Cys	Thr	Asp	Ile	Ala
			115					120					125		
Tyr	Asn	Gln	Thr	Ile	Met	Pro	Asn	Leu	Leu	Gly	His	Thr	Asn	Gln	Glu
			130					135					140		

Asp	Ala	Gly	Leu	Glu	Val	His	Gln	Phe	Tyr	Pro	Leu	Val	Lys	Val	Gln
145						150					155				160
Cys	Ser	Ala	Glu	Leu	Lys	Phe	Phe	Leu	Cys	Ser	Met	Tyr	Ala	Pro	Val
						165					170				175
Cys	Thr	Val	Leu	Glu	Gln	Ala	Leu	Pro	Pro	Cys	Arg	Ser	Leu	Cys	Glu
						180					185				190
Arg	Ala	Arg	Gln	Gly	Cys	Glu	Ala	Leu	Met	Asn	Lys	Phe	Gly	Phe	Gln
						195					200				205
Trp	Pro	Asp	Thr	Leu	Lys	Cys	Glu	Lys	Phe	Pro	Val	His	Gly	Ala	Gly
						210					215				220
Glu	Leu	Cys	Val	Gly	Gln	Asn	Thr	Ser	Asp	Lys	Gly	Thr	Pro	Thr	Pro
225						230					235				240
Ser	Leu	Leu	Pro	Glu	Phe	Trp	Thr	Ser	Asn	Pro	Gln	His	Gly	Gly	Gly
						245					250				255
Gly	His	Arg	Gly	Gly	Phe	Pro	Gly	Gly	Ala	Gly	Ala	Ser	Glu	Arg	Gly
						260					265				270
Lys	Phe	Ser	Cys	Pro	Arg	Ala	Leu	Lys	Val	Pro	Ser	Tyr	Leu	Asn	Tyr
						275					280				285
His	Phe	Leu	Gly	Glu	Lys	Asp	Cys	Gly	Ala	Pro	Cys	Glu	Pro	Thr	Lys
						290					295				300
Val	Tyr	Gly	Leu	Met	Tyr	Phe	Gly	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Phe	Ser	Arg
305						310					315				320
Thr	Trp	Ile	Gly	Ile	Trp	Ser	Val	Leu	Cys	Cys	Ala	Ser	Thr	Leu	Phe
						325					330				335
Thr	Val	Leu	Thr	Tyr	Leu	Val	Asp	Met	Arg	Arg	Phe	Ser	Tyr	Pro	Glu
						340					345				350
Arg	Pro	Ile	Ile	Phe	Leu	Ser	Gly	Cys	Tyr	Thr	Ala	Val	Ala	Val	Ala
						355					360				365
Tyr	Ile	Ala	Gly	Phe	Leu	Leu	Glu	Asp	Arg	Val	Val	Cys	Asn	Asp	Lys

370	375	380
Phe Ala Glu Asp Gly Ala Arg Thr Val Ala Gln Gly Thr Lys Lys Glu		
385	390	395 400
Gly Cys Thr Ile Leu Phe Met Met Leu Tyr Phe Phe Ser Met Ala Ser		
405	410	415
Ser Ile Trp Trp Val Ile Leu Ser Leu Thr Trp Phe Leu Ala Ala Gly		
420	425	430
Met Lys Trp Gly His Glu Ala Ile Glu Ala Asn Ser Gln Tyr Phe His		
435	440	445
Leu Ala Ala Trp Ala Val Pro Ala Ile Lys Thr Ile Thr Ile Leu Ala		
450	455	460
Leu Gly Gln Val Asp Gly Asp Val Leu Ser Gly Val Cys Phe Val Gly		
465	470	475 480
Leu Asn Asn Val Asp Ala Leu Arg Gly Phe Val Leu Ala Pro Leu Phe		
485	490	495
Val Tyr Leu Phe Ile Gly Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gly Phe Val Ser		
500	505	510
Leu Phe Arg Ile Arg Thr Ile Met Lys His Asp Gly Thr Lys Thr Glu		
515	520	525
Lys Leu Glu Lys Leu Met Val Arg Ile Gly Val Phe Ser Val Leu Tyr		
530	535	540
Thr Val Pro Ala Thr Ile Val Ile Ala Cys Tyr Phe Tyr Glu Gln Ala		
545	550	555 560
Phe Arg Asp Gln Trp Glu Arg Ser Trp Val Ala Gln Ser Cys Lys Ser		
565	570	575
Tyr Ala Ile Pro Cys Pro His Leu Gln Ala Gly Gly Gly Ala Pro Pro		
580	585	590
His Pro Pro Met Ser Pro Asp Phe Thr Val Phe Met Ile Lys Tyr Leu		
595	600	605

Met Thr Leu Ile Val Gly Ile Thr Ser Gly Phe Trp Ile Trp Ser Gly

610

615

620

Lys Thr Leu Asn Ser Trp Arg Lys Phe Tyr Thr Arg Leu Thr Asn Ser

625

630

635

640

Lys Gln Gly Glu Thr Thr Val

645

【0064】

<210> 2

<211> 350

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met His Pro Ala Ala Phe Pro Leu Pro Val Val Val Ala Ala Val Leu

1

5

10

15

Trp Gly Ala Ala Pro Thr Arg Gly Leu Ile Arg Ala Thr Ser Asp His

20

25

30

Asn Ala Ser Met Asp Phe Ala Asp Leu Pro Ala Leu Phe Gly Ala Thr

35

40

45

Leu Ser Gln Glu Gly Leu Gln Gly Phe Leu Val Glu Ala His Pro Asp

50

55

60

Asn Ala Cys Ser Pro Ile Ala Pro Pro Pro Pro Ala Pro Val Asn Gly

65

70

75

80

Ser Val Phe Ile Ala Leu Leu Arg Arg Phe Asp Cys Asn Phe Asp Leu

85

90

95

Lys Val Leu Asn Ala Gln Lys Ala Gly Tyr Gly Ala Ala Val Val His

100

105

110

Asn Val Asn Ser Asn Glu Leu Leu Asn Met Val Trp Asn Ser Glu Glu

115

120

125

Ile Gln Gln Gln Ile Trp Ile Pro Ser Val Phe Ile Gly Glu Arg Ser

130	135	140	
Ser Glu Tyr Leu Arg Ala Leu Phe Val Tyr Glu Lys Gly Ala Arg Val			
145	150	155	160
Leu Leu Val Pro Asp Asn Thr Phe Pro Leu Gly Tyr Tyr Leu Ile Pro			
	165	170	175
Phe Thr Gly Ile Val Gly Leu Leu Val Leu Ala Met Gly Ala Val Met			
	180	185	190
Ile Ala Arg Cys Ile Gln His Arg Lys Arg Leu Gln Arg Asn Arg Leu			
	195	200	205
Thr Lys Glu Gln Leu Lys Gln Ile Pro Thr His Asp Tyr Gln Lys Gly			
	210	215	220
Asp Gln Tyr Asp Val Cys Ala Ile Cys Leu Asp Glu Tyr Glu Asp Gly			
225	230	235	240
Asp Lys Leu Arg Val Leu Pro Cys Ala His Ala Tyr His Ser Arg Cys			
	245	250	255
Val Asp Pro Trp Leu Thr Gln Thr Arg Lys Thr Cys Pro Ile Cys Lys			
	260	265	270
Gln Pro Val His Arg Gly Pro Gly Asp Glu Asp Gln Glu Glu Glu Thr			
	275	280	285
Gln Gly Gln Glu Glu Gly Asp Glu Gly Glu Pro Arg Asp His Pro Ala			
	290	295	300
Ser Glu Arg Thr Pro Leu Leu Gly Ser Ser Pro Thr Leu Pro Thr Ser			
305	310	315	320
Phe Gly Ser Leu Ala Pro Ala Pro Leu Val Phe Pro Gly Pro Ser Thr			
	325	330	335
Asp Pro Pro Leu Ser Pro Pro Ser Ser Pro Val Ile Leu Val			
	340	345	350

【0 0 6 5】

<210> 3

<211> 206

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Gly Leu Gly Gln Pro Gln Ala Trp Leu Leu Gly Leu Pro Thr Ala
 1 5 10 15
 Val Val Tyr Gly Ser Leu Ala Leu Phe Thr Thr Ile Leu His Asn Val
 20 25 30
 Phe Leu Leu Tyr Tyr Val Asp Thr Phe Val Ser Val Tyr Lys Ile Asn
 35 40 45
 Lys Met Ala Phe Trp Val Gly Glu Thr Val Phe Leu Leu Trp Asn Ser
 50 55 60
 Leu Asn Asp Pro Leu Phe Gly Trp Leu Ser Asp Arg Gln Phe Leu Ser
 65 70 75 80
 Ser Gln Pro Arg Gly Arg Asp Leu Pro Trp Leu Gly Leu Val Gly Pro
 85 90 95
 Ser Gly Leu Trp Thr Ala Asn Thr Leu Cys Cys Phe Trp Lys Ile Pro
 100 105 110
 Leu Pro His Pro Cys Leu Ser Pro Ser Ser Pro Pro Thr Leu Arg Ser
 115 120 125
 Gly His Pro Ile Pro Phe Gly His Gln Pro Asn Arg Leu Ile Arg Gly
 130 135 140
 Trp Lys Leu Gly Gln Arg Arg Arg Val Tyr Pro Leu Val Arg Arg Arg
 145 150 155 160
 Ala Leu Leu Lys Gly Cys Gly Ala Gly Pro Gly Ala Gly Pro Gly Leu
 165 170 175
 Ala Trp Ala Ala Ala Gly Ala Val Val Pro Gly Val Leu Gly Ala Leu
 180 185 190
 Gly Pro Ser Trp Pro Ala Val Leu Ala Val Pro Val Pro Leu

195

200

205

【0 0 6 6】

<210> 4

<211> 213

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met His Tyr Tyr Arg Tyr Ser Asn Ala Lys Val Ser Cys Trp Tyr Lys

1

5

10

15

Tyr Leu Leu Phe Ser Tyr Asn Ile Ile Phe Trp Leu Ala Gly Val Val

20

25

30

Phe Leu Gly Val Gly Leu Trp Ala Trp Ser Glu Lys Gly Val Leu Ser

35

40

45

Asp Leu Thr Lys Val Thr Arg Met His Gly Ile Asp Pro Val Val Leu

50

55

60

Val Leu Met Val Gly Val Val Met Phe Thr Leu Gly Phe Ala Gly Cys

65

70

75

80

Val Gly Ala Leu Arg Glu Asn Ile Cys Leu Leu Asn Phe Asn Gln Cys

85

90

95

Cys Gly Ala Tyr Gly Pro Glu Asp Trp Asp Leu Asn Val Tyr Phe Asn

100

105

110

Cys Ser Gly Ala Ser Tyr Ser Arg Glu Lys Cys Gly Val Pro Phe Ser

115

120

125

Cys Cys Val Pro Asp Pro Ala Gln Lys Val Val Asn Thr Gln Cys Gly

130

135

140

Tyr Asp Val Arg Ile Gln Leu Lys Ser Lys Trp Asp Glu Ser Ile Phe

145

150

155

160

Thr Lys Gly Cys Ile Gln Ala Leu Glu Ser Trp Leu Pro Arg Asn Ile

165

170

175

Tyr Ile Val Ala Gly Val Phe Ile Ala Ile Ser Leu Leu Gln Ile Phe

180

185

190

Gly Ile Phe Leu Ala Arg Thr Leu Ile Ser Asp Ile Glu Ala Val Lys

195

200

205

Ala Gly His His Phe

210

【0 0 6 7】

<210> 5

<211> 595

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Met Arg Ala Ala Arg Ala Ala Pro Leu Leu Gln Leu Leu Leu Leu

1

5

10

15

Gly Pro Trp Leu Glu Ala Ala Gly Val Ala Glu Ser Pro Leu Pro Ala

20

25

30

Val Val Leu Ala Ile Leu Ala Arg Asn Ala Glu His Ser Leu Pro His

35

40

45

Tyr Leu Gly Ala Leu Glu Arg Leu Asp Tyr Pro Arg Ala Arg Met Ala

50

55

60

Leu Trp Cys Ala Thr Asp His Asn Val Asp Asn Thr Thr Glu Met Leu

65

70

75

80

Gln Glu Trp Leu Ala Ala Val Gly Asp Asp Tyr Ala Ala Val Val Trp

85

90

95

Arg Pro Glu Gly Glu Pro Arg Phe Tyr Pro Asp Glu Glu Gly Pro Lys

100

105

110

His Trp Thr Lys Glu Arg His Gln Phe Leu Met Glu Leu Lys Gln Glu

115

120

125

Ala Leu Thr Phe Ala Arg Asn Trp Gly Ala Asp Tyr Ile Leu Phe Ala

130	135	140	
Asp Thr Asp Asn Ile Leu Thr Asn Asn Gln Thr Leu Arg Leu Leu Met			
145	150	155	160
Gly Gln Gly Leu Pro Val Val Ala Pro Met Leu Asp Ser Gln Thr Tyr			
165	170	175	
Tyr Ser Asn Phe Trp Cys Gly Ile Thr Pro Gln Gly Tyr Tyr Arg Arg			
180	185	190	
Thr Ala Glu Tyr Phe Pro Thr Lys Asn Arg Gln Arg Arg Gly Cys Phe			
195	200	205	
Arg Val Pro Met Val His Ser Thr Phe Leu Ala Ser Leu Arg Ala Glu			
210	215	220	
Gly Ala Asp Gln Leu Ala Phe Tyr Pro Pro His Pro Asn Tyr Thr Trp			
225	230	235	240
Pro Phe Asp Asp Ile Ile Val Phe Ala Tyr Ala Cys Gln Ala Ala Gly			
245	250	255	
Val Ser Val His Val Cys Asn Glu His Arg Tyr Gly Tyr Met Asn Val			
260	265	270	
Pro Val Lys Ser His Gln Gly Leu Glu Asp Glu Arg Val Asn Phe Ile			
275	280	285	
His Leu Ile Leu Glu Ala Leu Val Asp Gly Pro Arg Met Gln Ala Ser			
290	295	300	
Ala His Val Thr Arg Pro Ser Lys Arg Pro Ser Lys Ile Gly Phe Asp			
305	310	315	320
Glu Val Phe Val Ile Ser Leu Ala Arg Arg Pro Asp Arg Arg Glu Arg			
325	330	335	
Met Leu Ala Ser Leu Trp Glu Met Glu Ile Ser Gly Arg Val Val Asp			
340	345	350	
Ala Val Asp Gly Trp Met Leu Asn Ser Ser Ala Ile Arg Asn Leu Gly			
355	360	365	

Val Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Asp Pro Tyr Ser Gly Arg Thr Leu
 370 375 380
 Thr Lys Gly Glu Val Gly Cys Phe Leu Ser His Tyr Ser Ile Trp Glu
 385 390 395 400
 Glu Val Val Ala Arg Gly Leu Ala Arg Val Leu Val Phe Glu Asp Asp
 405 410 415
 Val Arg Phe Glu Ser Asn Phe Arg Gly Arg Leu Glu Arg Leu Met Glu
 420 425 430
 Asp Val Glu Ala Glu Lys Leu Ser Trp Asp Leu Ile Tyr Leu Gly Arg
 435 440 445
 Lys Gln Val Asn Pro Glu Lys Glu Thr Ala Val Glu Gly Leu Pro Gly
 450 455 460
 Leu Val Val Ala Gly Tyr Ser Tyr Trp Thr Leu Ala Tyr Ala Leu Arg
 465 470 475 480
 Leu Ala Gly Ala Arg Lys Leu Leu Ala Ser Gln Pro Leu Arg Arg Met
 485 490 495
 Leu Pro Val Asp Glu Phe Leu Pro Ile Met Phe Asp Gln His Pro Asn
 500 505 510
 Glu Gln Tyr Lys Ala His Phe Trp Pro Arg Asp Leu Val Ala Phe Ser
 515 520 525
 Ala Gln Pro Leu Leu Ala Ala Pro Thr His Tyr Ala Gly Asp Ala Glu
 530 535 540
 Trp Leu Ser Asp Thr Glu Thr Ser Ser Pro Trp Asp Asp Asp Ser Gly
 545 550 555 560
 Arg Leu Ile Ser Trp Ser Gly Ser Gln Lys Thr Leu Arg Ser Pro Arg
 565 570 575
 Leu Asp Leu Thr Gly Ser Ser Gly His Ser Leu Gln Pro Gln Pro Arg
 580 585 590
 Asp Glu Leu

595

【0 0 6 8】

<210> 6

<211> 264

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Val Ala Ser Ala Lys Met Gly Arg Ala Gly Thr Met Ala Val Ala

1 5 10 15

Ala Glu Leu Arg Glu Leu Cys Pro Gly Val Asn Asn Gln Pro Tyr Leu

20 25 30

Cys Glu Ser Gly His Cys Cys Gly Glu Thr Gly Cys Cys Thr Tyr Tyr

35 40 45

Tyr Glu Leu Trp Trp Phe Trp Leu Leu Trp Thr Val Leu Ile Leu Phe

50 55 60

Ser Cys Cys Cys Ala Phe Arg His Arg Arg Ala Lys Leu Arg Leu Gln

65 70 75 80

Gln Gln Gln Arg Gln Arg Glu Ile Asn Leu Leu Ala Tyr His Gly Ala

85 90 95

Cys His Gly Ala Gly Pro Phe Pro Thr Gly Ser Leu Leu Asp Leu Arg

100 105 110

Phe Leu Ser Thr Phe Lys Pro Pro Ala Tyr Glu Asp Val Val His Arg

115 120 125

Pro Gly Thr Pro Pro Pro Pro Tyr Thr Val Ala Pro Gly Arg Pro Leu

130 135 140

Thr Ala Ser Ser Glu Gln Thr Cys Cys Ser Ser Ser Ser Ser Cys Pro

145 150 155 160

Ala His Phe Glu Gly Thr Asn Val Glu Gly Val Ser Ser His Gln Ser

165 170 175

Gln Glu Leu Glu Asp Gln Met Lys Glu Arg Gln Gly Leu Phe Phe Asn

Gln Glu Leu Glu Asn Gln Met Lys Glu Arg Gln Gly Leu Phe Phe Asp

85	90	95	
Met Glu Ala Tyr Leu Pro Lys Lys Asn Gly Leu Tyr Leu Ser Leu Val			
100	105	110	
Leu Gly Asn Val Asn Val Thr Leu Leu Ser Lys Gln Ala Lys Phe Ala			
115	120	125	
Tyr Lys Asp Glu Tyr Glu Lys Phe Lys Leu Tyr Leu Thr Ile Ile Leu			
130	135	140	
Ile Leu Ile Ser Phe Thr Cys Arg Phe Leu Leu Asn Ser Arg Val Thr			
145	150	155	160
Asp Ala Ala Phe Asn Phe Leu Leu Val Trp Tyr Tyr Cys Thr Leu Thr			
165	170	175	
Ile Arg Glu Ser Ile Leu Ile Asn Asn Gly Ser Arg Ile Lys Gly Trp			
180	185	190	
Trp Val Phe His His Tyr Val Ser Thr Phe Leu Ser Gly Val Met Leu			
195	200	205	
Thr Trp Pro Asp Gly Leu Met Tyr Gln Lys Phe Arg Asn Gln Phe Leu			
210	215	220	
Ser Phe Ser Met Tyr Gln Ser Phe Val Gln Phe Leu Gln Tyr Tyr Tyr			
225	230	235	240
Gln Ser Gly Cys Leu Tyr Arg Leu Arg Ala Leu Gly Glu Arg His Thr			
245	250	255	
Met Asp Leu Thr Val Glu Gly Phe Gln Ser Trp Met Trp Arg Gly Leu			
260	265	270	
Thr Phe Leu Leu Pro Phe Leu Phe Phe Gly His Phe Trp Gln Leu Phe			
275	280	285	
Asn Ala Leu Thr Leu Phe Asn Leu Ala Gln Asp Pro Gln Cys Lys Glu			
290	295	300	
Trp Gln Val Leu Met Cys Gly Phe Pro Phe Leu Leu Phe Leu Gly			
305	310	315	320

335

340

<400> 8

15

30

45

60

80

95

110

125

140

THESE THÈSES SONT DÉPOSÉES À LA BIBLIOTHÈQUE NATIONALE

145	150	155	160
Arg Arg Val Leu Arg Pro Gly Gly Val Leu Phe Phe Trp Glu His Val			
165	170	175	
Ala Glu Pro Tyr Gly Ser Trp Ala Phe Met Trp Gln Gln Val Phe Glu			
180	185	190	
Pro Thr Trp Lys His Ile Gly Asp Gly Cys Cys Leu Thr Arg Glu Thr			
195	200	205	
Trp Lys Asp Leu Glu Asn Ala Gln Phe Ser Glu Ile Gln Met Glu Arg			
210	215	220	
Gln Pro Pro Pro Leu Lys Trp Leu Pro Val Gly Pro His Ile Met Gly			
225	230	235	240
Lys Ala Val Lys			

【 0 0 7 1 】

<210> 9

<211> 303

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 9

Met Lys Leu Lys Leu Lys Asn Val Phe Leu Ala Tyr Phe Leu Val Ser			
1	5	10	15
Ile Ala Gly Leu Leu Tyr Ala Leu Val Gln Leu Gly Gln Pro Cys Asp			
20	25	30	
Cys Leu Pro Pro Leu Arg Ala Ala Ala Glu Gln Leu Arg Gln Lys Asp			
35	40	45	
Leu Arg Ile Ser Gln Leu Gln Ala Glu Leu Arg Arg Pro Pro Pro Ala			
50	55	60	
Pro Ala Gln Pro Pro Glu Pro Glu Ala Leu Pro Thr Ile Tyr Val Val			
65	70	75	80

Thr Pro Thr Tyr Ala Arg Pro Leu Trp Val Gln Tyr Pro Gln Asp Val

85

90

95

Thr Thr Phe Asn Ile Asp Asp Gln Tyr Leu Leu Gly Asp Ala Leu Leu

100

105

110

Val His Pro Val Ser Asp Ser Gly Ala His Gly Val Gln Val Tyr Leu

115

120

125

Pro Gly Gln Gly Glu Val Trp Tyr Asp Ile Gln Ser Tyr Gln Lys His

130

135

140

His Gly Pro Gln Thr Leu Tyr Leu Pro Val Thr Leu Ser Ser Ile Pro

145

150

155

160

Val Phe Gln Arg Gly Gly Thr Ile Val Pro Arg Trp Met Arg Val Arg

165

170

175

Arg Ser Ser Glu Cys Met Lys Asp Asp Pro Ile Thr Leu Phe Val Ala

180

185

190

Leu Ser Pro Gln Gly Thr Ala Gln Gly Glu Leu Phe Leu Asp Asp Gly

195

200

205

His Thr Phe Asn Tyr Gln Thr Arg Gln Glu Phe Leu Leu Arg Arg Phe

210

215

220

Ser Phe Ser Gly Asn Thr Leu Val Ser Ser Ser Ala Asp Pro Glu Gly

225

230

235

240

His Phe Glu Thr Pro Ile Trp Ile Glu Arg Val Val Ile Ile Gly Ala

245

250

255

Gly Lys Pro Ala Ala Val Val Leu Gln Thr Lys Gly Ser Pro Glu Ser

260

265

270

Arg Leu Ser Phe Gln His Asp Pro Glu Thr Ser Val Leu Val Leu Arg

275

280

285

Lys Pro Gly Ile Asn Val Ala Ser Asp Trp Ser Ile His Leu Arg

290

295

300

【0 0 7 2】

<210> 10

<211> 160

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met Asp Lys Leu Lys Lys Val Leu Ser Gly Gln Asp Thr Glu Asp Arg

1

5

10

15

Ser Gly Leu Ser Glu Val Val Glu Ala Ser Ser Leu Ser Trp Ser Thr

20

25

30

Arg Ile Lys Gly Phe Ile Ala Cys Phe Ala Ile Gly Ile Leu Cys Ser

35

40

45

Leu Leu Gly Thr Val Leu Leu Trp Val Pro Arg Lys Gly Leu His Leu

50

55

60

Phe Ala Val Phe Tyr Thr Phe Gly Asn Ile Ala Ser Ile Gly Ser Thr

65

70

75

80

Ile Phe Leu Met Gly Pro Val Lys Gln Leu Lys Arg Met Phe Glu Pro

85

90

95

Thr Arg Leu Ile Ala Thr Ile Met Val Leu Leu Cys Phe Ala Leu Thr

100

105

110

Leu Cys Ser Ala Phe Trp Trp His Asn Lys Gly Leu Ala Leu Ile Phe

115

120

125

Cys Ile Leu Gln Ser Leu Ala Leu Thr Trp Tyr Ser Leu Ser Phe Ile

130

135

140

Pro Phe Ala Arg Asp Ala Val Lys Lys Cys Phe Ala Val Cys Leu Ala

145

150

155

160

【0 0 7 3】

<210> 11

<211> 1941

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atggctgagg aggaggcgcc taagaagtc cgggccgccc gcggtggcgc gagctgggaa	60
ctttgtgccg gggcgctctc ggcccggctg acggaggagg gcagcgggga cgccgggtggc	120
cgccgccgcc cgccagtga cccccggcga ttggcgcgcc agctgctgct gctgctttgg	180
ctgctggagg ctccgctgct gctgggggtc cgggcccagg cggcgggcca ggggccaggc	240
caggggcccc ggccggggca gcaaccgccg ccgccgcctc agcagcaaca gagcgggcag	300
cagtacaacg gcgagcgggg catctccgtc ccggaccacg gctattgcca gcccatctcc	360
atcccgctgt gcacggacat cgcgtacaac cagaccatca tgcccaacct gctgggccac	420
acgaaccagg aggacgcggg cctggagggtg caccagttct accctctagt gaaagtgcag	480
tgttccgctg agctcaagtt ctccctgtgc tccatgtacg cgcccgtgtg caccgtgcta	540
gagcaggcgc tgccgcccgt ccgctccctg tgcgagcgcg cgcgccaggg ctgcgaggcg	600
ctcatgaaca agttcggctt ccagtggcca gacacgctca agtgtgagaa gttcccgggtg	660
cacggcgccg gcgagctgtg cgtgggccag aacacgtccg acaagggcac cccgacgccc	720
tcgctgcttc cagagtctg gaccagcaac cctcagcacg gcggcggagg gcaccgtggc	780
ggcttcccgg ggggcgcggg cgcgtcggag cgaggcaagt tctcctgccc gcgcgccctc	840
aaggtgccct cctacctcaa ctaccacttc ctgggggaga aggactgcgg cgcacctgt	900
gagccgacca aggtgtatgg gctcatgtac ttcgggcccc aggagctgcg ctctcgcgc	960
acctggattg gcatttggtc agtgcgtgtc tgcgcctcca cgctcttcac ggtgcttacg	1020
tacctgggtg acatgcggcg cttcagctac ccggagcggc ccatcatctt ctgtccggc	1080
tgttacacgg ccgtggccgt ggcctacatc gccggcttcc tcttggaaga ccgagtgggtg	1140
tgtaatgaca agttcgccga ggacggggca cgcactgtgg cgcagggcac caagaaggag	1200
ggctgcacca tctcttcat gatgctctac ttcttcagca tggccagctc catctgggtg	1260
gtgatcctgt cgctcacctg gttcctggcg gctggcatga agtggggcca cgaggccatc	1320
gaagccaact cacagtattt tcacctggcc gccctgggctg tgccggccat caagaccatc	1380
accatccctg cgctgggcca ggtggacggc gatgtgctga gcggagtgtg cttcgtgggg	1440
cttaacaacg tggacgcgt gcgtggcttc gtgctggcgc cctcttctgt gtacctgttt	1500
atcggcacgt cctttctgct ggccggcttt gtgtcgtctt tccgcatccg caccatcatg	1560
aagcacgatg gcaccaagac cgagaagctg gagaagctca tgggtgcgat tggcgtcttc	1620

agcgtgctgt acactgtgcc agccaccatc gtcacgcct gctacttcta cgagcaggcc 1680
 ttccgggacc agtgggaacg cagctgggtg gccagagct gcaagagcta cgctatcccc 1740
 tgcctcacc tccaggcggg cggaggcgcc ccgccgcacc cgcccatgag cccggacttc 1800
 acggtcttca tgattaagta cttatgacg ctgacgtgg gcatcacgtc gggcttctgg 1860
 atctgggtccg gcaagaccct caactcctgg aggaagtctt acacgaggct caccaacagc 1920
 aaacaagggg agactacagt c 1941

【 0 0 7 4 】

<210> 12

<211> 1050

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atgcaccctg cagccttccc gcttccgtg gtgtggccg ctgtgctgtg gggagcggcc 60
 ccgacccggg ggctcattcg agcgacctg gaccacaatg ccagcatgga ctttgcagac 120
 cttccagctc tgtttggggc taccttgagc caggagggcc tccagggggtt ccttgtggag 180
 gctcaccag acaatgcctg cagccccatt gccccaccac cccagcccc ggtcaatggg 240
 tcagtcttta ttgcgctgct tcgaagattc gactgcaact ttgacctcaa ggtcctaaat 300
 gccagaagg ctggatatgg tgccgctgta gtacacaatg tgaattccaa tgaacttctg 360
 aacatgggtg ggaatagtga ggaaatccag cagcagatct ggatcccgctc tgtatttatt 420
 ggggagagaa gctccgagta cctgcgtgcc ctctttgtct acgagaaggg ggctcgggtg 480
 cttctgggtc cagacaatac ctccccctg ggctattacc tcatcccttt cacagggatt 540
 gtgggactgc tggttttggc catgggagca gtaatgatag ctcgttgtat ccagcaccgg 600
 aaacggctcc agcggaatcg acttaccaaa gagcaactga aacagattcc tacacatgac 660
 tatcagaagg gagaccagta tgatgtctgt gccatttgcc tggatgaata tgaggatggg 720
 gacaagctgc ggggtactccc ctgtgctcat gcctaccaca gccgctgcgt ggacccctgg 780
 ctactcaga cccggaagac ctgccccatt tgcaagcagc ctgttcatcg gggtcctggg 840
 gacgaagacc aagaggaaga aactcaaggg caagaggagg gtgatgaagg ggagccaagg 900
 gaccaccctg cctcagaaag gacccactt ttgggttcta gccccactct tcccacctcc 960
 tttggttct tagccccagc tccccctgtt ttctctgggc ctccaacaga tccccactg 1020

tccccccct cttccccgt taccctggc

1050

【0075】

<210> 13

<211> 618

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atggggctgg gtcagcccca ggcctgggtg ctgggtctgc ccacagctgt ggtctatggc	60
tccctggctc tcttcaccac catcctgcac aatgtcttcc tgctctacta tgtggacacc	120
tttgtctcag tgtacaagat caacaaaatg gccttctggg tcggagagac agtgtttctc	180
ctctggaaca gcctcaatga cccctcttc gggtggctca gtgaccggca gttcctcagc	240
tcccagcccc gggaagaga tctaccctgg ctggcttgg ttggccctc tggactgtgg	300
actgcaaaca cctctgctg ctctggaag attcctttgc cccatccctg cttagagccc	360
tcatcaccac caaccttgag aagtgggcac cccataccct ttggccatca gcccaacagg	420
ctaataaggg ggtggaaatt ggggcagagg aggagagtgt acccactggc caggcgccgg	480
gctctcctca agggctgtgg tgctggcccg ggtgcaggcc ctgggctggc atgggccgct	540
gctggcgctg tegtccctgg cgttctgggt gcctggggcc ccagctggcc tgcagttctt	600
gctgtgcctg tgcctcta	618

【0076】

<210> 14

<211> 639

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atgcactatt atagatactc taacgccaag gtcagctgct ggtacaagta cctccttttc	60
agctacaaca tcatcttctg gttggctgga gttgtcttcc ttggagtcgg gctgtgggca	120
tggagcgaag aggggtgtgt gtccgacctc accaaagtga cccggatgca tggaatcgac	180
cctgtgggtg tggctctgat ggtgggcgtg gtgatgttca cctgggggtt cgccggctgc	240
gtgggggctc tgcgggagaa tatctgcttg ctcaacttta accagtgtgt tggcgcatat	300

ggccctgaag actgggacct caacgtctac ttcaattgca gcggtgccag ctacagccga 360
 gagaagtgcg ggggtccctt ctccgtctgc gtgccagatc ctgcgcaaaa agttgtgaac 420
 acacagtgtg gatatgatgt caggattcag ctgaagagca agtgggatga gtccatcttc 480
 acgaaaggct gcatccaggc gctggaaagc tggctcccg cgaacattta cattgtggct 540
 ggcgcttca tgcctatctc gctgttgagc atatttgga tcttctggc aaggacgctg 600
 atctcagaca tgcaggcagt gaaggccggc catcacttc 639

【0 0 7 7】

<210> 15

<211> 1785

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atgcgcgctg cccgcgccgc gccgtgctc cagctgctgc tctgtctggg gccgtggctg 60
 gaggctgcgg gcgttgcgga gtcgccgtg cccgccgtgg tcttgccat cctggcccgc 120
 aatgccgaac actcgtgcc ccactacctg ggcgctctgg agcggttgga ctacccccgg 180
 gccaggatgg cctctgggtg tgccacggac cacaatgtgg acaacaccac agagatgctg 240
 caggagtggc tggcggtgt gggcgatgac tatgctgctg tggcttgag gcctgagggc 300
 gagcccaggt tctaccaga tgaagagggt cccaagcact ggaccaaaga aaggcaccag 360
 tttctgatgg agctgaagca ggaagccctc acctttgcca ggaactgggg ggccgactat 420
 atcctgtttg cagacacaga caacattctg accaacaatc agactctgcg gcttctcatg 480
 gggcaggggc ttccagtgtt ggccccaatg ctggactccc agacctacta ctccaacttc 540
 tgggtgtgga tccccccca gggtactac cgccgcacag ccgagtactt cccaccaag 600
 aaccgccagc gccggggctg ctccgtgtc cccatgggtc actccacctt ccttgcatcc 660
 ctgcgggctg aaggggcaga ccagcttgct ttctaccgc cacatcccaa ctacacttgg 720
 cctttcgacg acatcatcgt cttcgcctat gcctgccagg ctgctggggc ctccgtccac 780
 gtgtgcaatg agcaccgtta tgggtacatg aatgtgccgg tgaaatccca ccaggggctg 840
 gaagacgaga ggttcaactt catccacctg atcttagaag cactagtgga cgccccccgc 900
 atgcaggcct cagctcatgt gactcgccc tctaagaggc ccagcaagat agggtttgac 960
 gaggtctttg tcatcagcct ggctcgcagg cctgaccgtc gggaacgcat gctcgcctcg 1020

ctctgggaga tggagatctc tgggaggggtg gtggacgctg tggatggctg gatgctcaac 1080
 agcagtgcc a tcaggaacct cggcgtagac ctgctcccg gctaccagga cccttactcg 1140
 ggccgcactc tgaccaaggg cgaggtgggc tgcttctca gccattactc catctgggaa 1200
 gaggtggttg ccaggggcct ggcccgggtc ctggtgtttg aggatgacgt gcgctttgag 1260
 agcaacttca gggggcggtt ggagcggtc atggaggatg tggaggcaga gaaactgtct 1320
 tgggacctga tctacctcg acggaagcag gtgaacctg agaaggagac ggccgtggag 1380
 gggctgccgg gcttgggtgt ggctgggtac tctactgga cgtggccta tgccctgcgt 1440
 ctggcgggtg cccgcaagct gctggcctca cagcctctgc gccgcatgct gcccgaggac 1500
 gatttctgc ccatcatgtt cgaccagcac cccaacgagc agtacaaggc acatttctgg 1560
 ccacgggacc tgggtggcctt ctccgccag cccctgctcg ctgccctac ccactatgcc 1620
 ggggacgccg agtggctcag tgacacggag acatcctctc catgggatga tgacagcggc 1680
 cgctcatca gctggagcgg ctcccaaaag acctgcgca gccccgcct ggacctgact 1740
 ggcagcagcg ggcacagcct ccaaccccag ccccgagatg agctc 1785

【0078】

<210> 16

<211> 792

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atggtggcct cagcgaagat gggccgggca gggaccatgg cggtggcagc agagcttcca 60
 gagctgtgcc caggagtga caaccagccc tacctctgtg agagtgttca ctgctgcggg 120
 gagactggct gctgcaccta ctactatgag ctctggttgt tctggctgct ctggactgtc 180
 ctcatcctct ttagctgctg ttgcgccttc cgccaccgac gagctaaact caggctgcaa 240
 caacagcagc ggcagcgtga aatcaacttg ttggcctatc atggggcatg ccatgggggt 300
 ggtcctttcc ctaccggttc actgcttgac cttcgcttcc tcagcacctt caagccccc 360
 gcctacgagg atgtggttca ccgccaggc acaccacccc ccccttatac tgtggcccca 420
 ggccgcccc tgaactgttc cagtgaacaa acctgctgtt cctctcctc cagctgcct 480
 gcccactttg aaggaacaaa tgtggaaggt gtttctctcc accagagtgc cccccccat 540
 caggaggggtg agcccggggc aggggtgacc cctgcctcca cccccctc ctgccgtat 600

cgccgttttaa ctggcgactc cggtattgag ctctgccctt gtccctgcctc cggtgagggt 660
gagccagtca aggaggtgag ggtagtgcc accctgccag atctggagga ctactccccg 720
tgtgcactac cccagagtc tgtaccgcag atctttccca tggggctgtc ttccagtga 780
ggggacatcc ca 792

【 0 0 7 9 】

<210> 17

<211> 1029

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atgcagcccc cgccccggg cccgtgggc gactgcctgc gggactggga ggatctacag 60
caggacttcc agaacatcca ggagacccat cggctctacc gcctgaagct ggaggagctg 120
accaaacttc agaacaattg caccagctcc atcacgcggc agaagaagcg gctccaggag 180
ctggccctcg ccctgaagaa atgcaaacc tccctcccag cagaggccga gggggccgca 240
caggagctgg agaaccagat gaaagagcgc caaggccct tctttgacat ggaggcctat 300
ttgcctaaga agaatggatt gtacctgagc ctggttctgg ggaacgtcaa cgtcacgctc 360
ctgagcaagc aggctaagtt tgcctacaag gacgagtatg agaagttcaa gctctacctc 420
accatcatcc tcatcctcat ctcttccact tgccgcctcc tgctcaactc cagggtgaca 480
gatgctgcct tcaacttcct gctggtctgg tactactgca ccctgaccat ccgggagagc 540
atcctcatca acaacggctc ccggatcaaa ggctgggtggg tgttccatca ctacgtgtcc 600
accttcctgt cgggagtcac gctgacgtgg cccgacggtc tcatgtacca gaaattccgg 660
aaccaattcc tctcttttc catgtaccag agcttcgtgc agtttctcca gtactactac 720
cagagcggct gcctctaccg cctgcgggcg ctgggcgagc ggcacacccat ggacctact 780
gtggagggtc tccagtcctg gatgtggcgg ggcctcacct tctgtctgcc tttcttttc 840
tttgacact tctggcagct ttttaacgcg ctgacgttgt tcaacctggc ccaggacct 900
cagtgaagg agtggcaggt gcttatgtgc ggctttccct tctctctct tttctcggc 960
aatttcttca ccacctgag ggttgtgcac cacaagtttc acagtcagcg gcacgggagc 1020
aagaaggat 1029

【 0 0 8 0 】

<210> 18

<211> 732

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atggacatcc tgggtcccact cctgcagctg ctgggtgctgc ttcttaccct gcccctgcac	60
ctcatggctc tgctgggctg ctggcagccc ctgtgcaaaa gctacttccc ctacctgatg	120
gccgtgctga ctcccaagag caaccgcaag atggagagca agaaacggga gctcttcagc	180
cagataaagg ggcttacagg agcctccggg aaagtggccc tactggagct gggctgcgga	240
accggagcca actttcagtt ctaccaccg ggctgcaggg tcacctgcct agacccaaat	300
ccccactttg agaagttcct gacaaagagc atggctgaga acaggcacct ccaatatgag	360
cggtttgtgg tggctcctgg agaggacatg agacagctgg ctgatggctc catggatgtg	420
gtggtctgca ctctggtgct gtgctctgtg cagagcccaa ggaaggctct gcaggaggtc	480
cggagagtac tgagaccggg aggtgtgctc ttttctggg agcatgtggc agaaccatat	540
ggaagctggg ccttcagtgt gcagcaagtt ttcgagccca cctggaaaca cattggggat	600
ggctgtgtcc tcaccagaga gacctggaag gatcttgaga acgcccagtt ctccgaaatc	660
caaatggaac gacagccccc tcccttgaag tggctacctg ttgggccccca catcatggga	720
aaggctgtca aa	732

【0081】

<210> 19

<211> 909

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 19

atgaagctga agctgaagaa cgtgtttctc gcctacttcc tgggtgtcgat cgccggcctc	60
ctctacgcgc tggtagagct cggccagcca tgtgactgcc ttctctccct gcgggcagca	120
gccgagcagc tacggcagaa ggatctgagg atttcccagc tgcaagcgga actccgacgg	180
ccaccccttg cccctgcccc gccccctgaa cccgaggccc tgcctactat ctatgttgtt	240
acccccacct atgccaggcc cctgtgggtg cagtaccctc aggatgtgac taccttcaat	300

atagatgata agtacttgct tggggatgcg ttgctggttc accctgtatc agactctgga	360
gcccattggtg tccaggctca tctgcctggc caaggggagg tgtggtatga cattcaaagc	420
taccagaagc atcatgggtc ccagaccctg tacctgcctg taactctaag cagtatccct	480
gtgttccagc gtggagggac aatcgtgcct cgatggatgc gagtgcggcg gtcttcagaa	540
tgtatgaagg atgaccccat cactctcttt gttagcactta gccctcaggg tacagctcaa	600
ggagagctct tttctggatga tgggcacacg ttcaactatc agactcgcca agagtccctg	660
ctgcgtcgat tctcattctc tggcaacacc cttgtctcca gctcagcaga cctgaagga	720
cactttgaga caccaatctg gattgagcgg gtggtgataa taggggctgg aaagccagca	780
gctgtggtac tccagacaaa aggatctcca gaaagccgcc tgccttcca gcatgaccct	840
gagacctctg tgttggctct gcgcaagcct ggcatcaatg tggcatctga ttggagtatt	900
cacctgcga	909

【 0 0 8 2 】

<210> 20

<211> 480

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atggacaagc tgaagaaggt gctgagcggg caggacacgg aggaccggag cggcctgtcc	60
gaggttgttg aggcatcttc attaagctgg agtaccagga taaaaggcct cattgcgtgt	120
tttgctatag gaattctctg ctactgctg ggtactgttc tgctgtgggt gccaggaag	180
ggactacacc tcttcgcagt gttttatacc ttigttaata tcgcatcaat tgggagtacc	240
atcttcccca tgggaccagt gaaacagctg aagcgaatgt ttgagcctac tcgtttgatt	300
gcaactatca tgggtgctgt gtgttttgca cttaccctgt gttctgcctt ttggtggcat	360
aacaaggagc ttgcacttat cttctgcatt ttgcagcttt tggcattgac gtggtacagc	420
ctttccctca taccatttgc aagggatgct gtgaagaagt gttttgccgt gtgtcttgca	480

【 0 0 8 3 】

<210> 21

<211> 4485

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (189)...(2132)

<400> 21

gaatcgcaag tttccgcggc ggcggcggct gcggtacgca gaacaggagc cgggggagcg	60
ggccgaaagc ggcttgggct cgacggaggg caccgcgca gaggtctccc tggccgcagg	120
gggagccgcc gccggccgtg cccctggcag cccagcgga gcggcgccaa gagaggagcc	180
gagaaagt atg gct gag gag gag gcg cct aag aag tcc cgg gcc gcc ggc	230
Met Ala Glu Glu Glu Ala Pro Lys Lys Ser Arg Ala Ala Gly	
1 5 10	
ggt ggc gcg agc tgg gaa ctt tgt gcc ggg gcg ctc tcg gcc cgg ctg	278
Gly Gly Ala Ser Trp Glu Leu Cys Ala Gly Ala Leu Ser Ala Arg Leu	
15 20 25 30	
acg gag gag ggc agc ggg gac gcc ggt ggc cgc cgc cgc ccg cca gtt	326
Thr Glu Glu Gly Ser Gly Asp Ala Gly Gly Arg Arg Arg Pro Pro Val	
35 40 45	
gac ccc cgg cga ttg gcg cgc cag ctg ctg ctg ctg ctt tgg ctg ctg	374
Asp Pro Arg Arg Leu Ala Arg Gln Leu Leu Leu Leu Trp Leu Leu	
50 55 60	
gag gct ccg ctg ctg ctg ggg gtc cgg gcc cag gcg gcg ggc cag ggg	422
Glu Ala Pro Leu Leu Leu Gly Val Arg Ala Gln Ala Ala Gly Gln Gly	
65 70 75	
cca ggc cag ggg ccc ggg ccg ggg cag caa ccg ccg ccg ccg cct cag	470
Pro Gly Gln Gly Pro Gly Pro Gly Gln Gln Pro Pro Pro Pro Pro Gln	
80 85 90	
cag caa cag agc ggg cag cag tac aac ggc gag cgg ggc atc tcc gtc	518
Gln Gln Gln Ser Gly Gln Gln Tyr Asn Gly Glu Arg Gly Ile Ser Val	
95 100 105 110	

ccg gac cac ggc tat tgc cag ccc atc tcc atc ccg ctg tgc acg gac	566
Pro Asp His Gly Tyr Cys Gln Pro Ile Ser Ile Pro Leu Cys Thr Asp	
115 120 125	
atc gcg tac aac cag acc atc atg ccc aac ctg ctg ggc cac acg aac	614
Ile Ala Tyr Asn Gln Thr Ile Met Pro Asn Leu Leu Gly His Thr Asn	
130 135 140	
cag gag gac gcg ggc ctg gag gtg cac cag ttc tac cct cta gtg aaa	662
Gln Glu Asp Ala Gly Leu Glu Val His Gln Phe Tyr Pro Leu Val Lys	
145 150 155	
gtg cag tgt tcc gct gag ctc aag ttc ttc ctg tgc tcc atg tac gcg	710
Val Gln Cys Ser Ala Glu Leu Lys Phe Phe Leu Cys Ser Met Tyr Ala	
160 165 170	
ccc gtg tgc acc gtg cta gag cag gcg ctg ccg ccc tgc cgc tcc ctg	758
Pro Val Cys Thr Val Leu Glu Gln Ala Leu Pro Pro Cys Arg Ser Leu	
175 180 185 190	
tgc gag cgc gcg cgc cag ggc tgc gag gcg ctc atg aac aag ttc ggc	806
Cys Glu Arg Ala Arg Gln Gly Cys Glu Ala Leu Met Asn Lys Phe Gly	
195 200 205	
ttc cag tgg cca gac acg ctc aag tgt gag aag ttc ccg gtg cac ggc	854
Phe Gln Trp Pro Asp Thr Leu Lys Cys Glu Lys Phe Pro Val His Gly	
210 215 220	
gcc ggc gag ctg tgc gtg ggc cag aac acg tcc gac aag ggc acc ccg	902
Ala Gly Glu Leu Cys Val Gly Gln Asn Thr Ser Asp Lys Gly Thr Pro	
225 230 235	
acg ccc tcg ctg ctt cca gag ttc tgg acc agc aac cct cag cac ggc	950
Thr Pro Ser Leu Leu Pro Glu Phe Trp Thr Ser Asn Pro Gln His Gly	
240 245 250	
ggc gga ggg cac cgt ggc ggc ttc ccg ggg ggc gcc ggc gcg tcg gag	998
Gly Gly Gly His Arg Gly Gly Phe Pro Gly Gly Ala Gly Ala Ser Glu	

255	260	265	270	
cga ggc aag ttc tcc tgc ccg cgc gcc ctc aag gtg ccc tcc tac ctc				1046
Arg Gly Lys Phe Ser Cys Pro Arg Ala Leu Lys Val Pro Ser Tyr Leu				
	275	280	285	
aac tac cac ttc ctg ggg gag aag gac tgc ggc gca cct tgt gag ccg				1094
Asn Tyr His Phe Leu Gly Glu Lys Asp Cys Gly Ala Pro Cys Glu Pro				
	290	295	300	
acc aag gtg tat ggg ctc atg tac ttc ggg ccc gag gag ctg cgc ttc				1142
Thr Lys Val Tyr Gly Leu Met Tyr Phe Gly Pro Glu Glu Leu Arg Phe				
	305	310	315	
tcg cgc acc tgg att ggc att tgg tca gtg ctg tgc tgc gcc tcc acg				1190
Ser Arg Thr Trp Ile Gly Ile Trp Ser Val Leu Cys Cys Ala Ser Thr				
	320	325	330	
ctc ttc acg gtg ctt acg tac ctg gtg gac atg cgg cgc ttc agc tac				1238
Leu Phe Thr Val Leu Thr Tyr Leu Val Asp Met Arg Arg Phe Ser Tyr				
	335	340	345	350
ccg gag cgg ccc atc atc ttc ttg tcc ggc tgt tac acg gcc gtg gcc				1286
Pro Glu Arg Pro Ile Ile Phe Leu Ser Gly Cys Tyr Thr Ala Val Ala				
	355	360	365	
gtg gcc tac atc gcc ggc ttc ctc ctg gaa gac cga gtg gtg tgt aat				1334
Val Ala Tyr Ile Ala Gly Phe Leu Leu Glu Asp Arg Val Val Cys Asn				
	370	375	380	
gac aag ttc gcc gag gac ggg gca cgc act gtg gcg cag ggc acc aag				1382
Asp Lys Phe Ala Glu Asp Gly Ala Arg Thr Val Ala Gln Gly Thr Lys				
	385	390	395	
aag gag ggc tgc acc atc ctc ttc atg atg ctc tac ttc ttc agc atg				1430
Lys Glu Gly Cys Thr Ile Leu Phe Met Met Leu Tyr Phe Phe Ser Met				
	400	405	410	
gcc agc tcc atc tgg tgg gtg atc ctg tcg ctc acc tgg ttc ctg gcg				1478

Ala Ser Ser Ile Trp Trp Val Ile Leu Ser Leu Thr Trp Phe Leu Ala			
415	420	425	430
gct ggc atg aag tgg ggc cac gag gcc atc gaa gcc aac tca cag tat	1526		
Ala Gly Met Lys Trp Gly His Glu Ala Ile Glu Ala Asn Ser Gln Tyr			
435	440	445	
ttt cac ctg gcc gcc tgg gct gtg ccg gcc atc aag acc atc acc atc	1574		
Phe His Leu Ala Ala Trp Ala Val Pro Ala Ile Lys Thr Ile Thr Ile			
450	455	460	
ctg gcg ctg ggc cag gtg gac ggc gat gtg ctg agc gga gtg tgc ttc	1622		
Leu Ala Leu Gly Gln Val Asp Gly Asp Val Leu Ser Gly Val Cys Phe			
465	470	475	
gtg ggg ctt aac aac gtg gac gcg ctg cgt ggc ttc gtg ctg gcg ccc	1670		
Val Gly Leu Asn Asn Val Asp Ala Leu Arg Gly Phe Val Leu Ala Pro			
480	485	490	
ctc ttc gtg tac ctg ttt atc ggc acg tcc ttt ctg ctg gcc ggc ttt	1718		
Leu Phe Val Tyr Leu Phe Ile Gly Thr Ser Phe Leu Leu Ala Gly Phe			
495	500	505	510
gtg tcg ctc ttc cgc atc cgc acc atc atg aag cac gat ggc acc aag	1766		
Val Ser Leu Phe Arg Ile Arg Thr Ile Met Lys His Asp Gly Thr Lys			
515	520	525	
acc gag aag ctg gag aag ctc atg gtg cgc att ggc gtc ttc agc gtg	1814		
Thr Glu Lys Leu Glu Lys Leu Met Val Arg Ile Gly Val Phe Ser Val			
530	535	540	
ctg tac act gtg cca gcc acc atc gtc atc gcc tgc tac ttc tac gag	1862		
Leu Tyr Thr Val Pro Ala Thr Ile Val Ile Ala Cys Tyr Phe Tyr Glu			
545	550	555	
cag gcc ttc cgg gac cag tgg gaa cgc agc tgg gtg gcc cag agc tgc	1910		
Gln Ala Phe Arg Asp Gln Trp Glu Arg Ser Trp Val Ala Gln Ser Cys			
560	565	570	

aag agc tac gct atc ccc tgc cct cac ctc cag gcg ggc gga ggc gcc	1958
Lys Ser Tyr Ala Ile Pro Cys Pro His Leu Gln Ala Gly Gly Gly Ala	
575 580 585 590	
ccg ccg cac ccg ccc atg agc ccg gac ttc acg gtc ttc atg att aag	2006
Pro Pro His Pro Pro Met Ser Pro Asp Phe Thr Val Phe Met Ile Lys	
595 600 605	
tac ctt atg acg ctg atc gtg ggc atc acg tcg ggc ttc tgg atc tgg	2054
Tyr Leu Met Thr Leu Ile Val Gly Ile Thr Ser Gly Phe Trp Ile Trp	
610 615 620	
tcc ggc aag acc ctc aac tcc tgg agg aag ttc tac acg agg ctc acc	2102
Ser Gly Lys Thr Leu Asn Ser Trp Arg Lys Phe Tyr Thr Arg Leu Thr	
625 630 635	
aac agc aaa caa ggg gag act aca gtc tgagaccgg ggctcagccc a	2150
Asn Ser Lys Gln Gly Glu Thr Thr Val	
640 645	
tgcccaggcc tcggccgggg cgcagcgcac ccccaaagcc agcgccgtgg agttcgtgcc	2210
aatcctgaca tctcgaggtt tctcactag acaactctct ttcgcaggct cctttgaaca	2270
actcagctcc tgcaaaagct tccgtccctg aggcaaaagg acacgagggc ccgactgcca	2330
gagggaggat ggacagacct cttgccctca cactctggta ccaggactgt tcgcttttat	2390
gattgtaaat agcctgtgta agatttttgt aagtatatit gtatttaa at gacgaccgat	2450
cacgcgtttt tctttttcaa aagtttttaa ttatttaggg cggtttaacc atttgaggct	2510
tttctttctt gcccttttcg gagtattgca aaggagctaa aactgggtgt caaccgcaca	2570
gcgctcctgg tcgtcctcgc gcgcctctcc ctaccaaggg tgctcgggac ggctgggcgc	2630
cagctccggg gcgagttcag cactgcgggg tgcgactagg gctgcgctgc cagggtcact	2690
tcccgcctcc tctttttgcc cctccccct ccttctgtcc cctccctttc tttcctggct	2750
tgaggtaggg gctcttaagg tacagaactc cacaacctt ccaaactctgg aggagggccc	2810
ccatacatca caattcctcc cttgctcggc ggtggattgc gaaggcccgt ccttcgact	2870
tctgaagct ggatttttaa ctgtccagaa ctttctcca acttcatggg ggcccacggg	2930
tgtagggcgt ggcagttcga gcctccctcc acggtcacct tcaacgccc gacactcct	2990

tctcccacct tagttggtta cagggtagt gagataacca atgccaaact ttttgaagtc	3050
taatttttga ggggtgagct catttcattc tctagtgtct aaaacctggt atgggtttgg	3110
ccagcgtcat ggaaagatgt ggttactgag atttggaag aagcatgaag ctttgtgtgg	3170
gttgaagag actgaagata tgggttataa aatgttaatt ctaattgcat acggatgcct	3230
ggcaaccttg cctttgagaa tgagacagcc tgcgcttaga ttttaccggt ctgtaaaatg	3290
gaaatgttga ggtcacctgg aaagctttgt taaggagttg atgtttgctt tccttaacaa	3350
gacagcaaaa cgtaaacaga aattgaaaac ttgaaggata tttcagtgtc atggacttcc	3410
tcaaaatgaa gtgctatttt cttattttta atcaaataac tagacatata tcagaaactt	3470
taaaatgtaa aagttgtaca ctttcaacat tttattacga ttattattca gcagcacatt	3530
ctgagggggg aacaattcac accaccaata ataacctggt aagatttcag gaggtaaaga	3590
aggttgaata attgacgggg agatagcgcc tgaaataaac aaaatatggg catgcatgct	3650
aaagggaaaa tgtgtgcagg tctactgcat taaatcctgt gtgctcctct tttggattta	3710
cagaaatgtg tcaaatgtaa atctttcaaa gccatttaaa aatattcact ttagttctct	3770
gtgaagaaga ggagaaaagc aatcctcctg attgtattgt tttaaacttt aagaatttat	3830
caaaatgccg gtacttagga cctaaattta tctatgtctg tcatacgcta aaatgatatt	3890
ggtctttgaa tttggtatac atttattctg ttactatca caaaatcatt tatatttata	3950
gaggaataga agtttatata tatataatc catattttta atttcacaaa taaaaaattc	4010
aaagttttgt acaaaattat atggattttg tgcctgaaaa taatagagct tgagctgtct	4070
gaactatttt acattttatg gtgtctcata gccaatccca cagtgtaaaa attcaggaat	4130
tcaatgaaaa aagtctaccc ttaaaccctc agatcagtct ttccaaagaa ttactctgtt	4190
tgcatgttg tgattgacat ttgtgaagtc ccaagaaaag atctgttttc atgacagtag	4250
aaaatagaag tttgcaaatt atttctttac tcaaagagga ttaaaagaga actctaattt	4310
taatattaaa gctttctttt ctttcaggga ataaatttac atgacttttt atattatgga	4370
ggtttatttt taaatcatca ctttctcat attttttaga ggtattgtct tatctcttcc	4430
ataatcttgg atattacaaa accctaaata ggcaatcaat aaatgggttaa ctggc	4485

【0 0 8 4】

<210> 22

<211> 1509

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (253)...(1305)

<400> 22

ttttccgcgt tttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgcctccc acccagctcc	60
actaaacggg ttggatatct cattctttga gttgggtgtt cttccccggc gcccccatgt	120
agctgggaag tgggacctgg gggtggttgg acccctggga tcctaaagga ggggcaggga	180
gggcgcagaa ctccgcttct gctccttgct accaggacgc gcggcctcct cagcctcttt	240
cctcccgtg cc atg cac cct gca gcc ttc ccg ctt cct gtg gtt gtg gcc	291
Met His Pro Ala Ala Phe Pro Leu Pro Val Val Val Ala	
1 5 10	
gct gtg ctg tgg gga gcg gcc ccg acc cgg ggg ctc att cga gcg acc	339
Ala Val Leu Trp Gly Ala Ala Pro Thr Arg Gly Leu Ile Arg Ala Thr	
15 20 25	
tcg gac cac aat gcc agc atg gac ttt gca gac ctt cca gct ctg ttt	387
Ser Asp His Asn Ala Ser Met Asp Phe Ala Asp Leu Pro Ala Leu Phe	
30 35 40 45	
ggg gct acc ttg agc cag gag ggc ctc cag ggg ttc ctt gtg gag gct	435
Gly Ala Thr Leu Ser Gln Glu Gly Leu Gln Gly Phe Leu Val Glu Ala	
50 55 60	
cac cca gac aat gcc tgc agc ccc att gcc cca cca ccc cca gcc ccg	483
His Pro Asp Asn Ala Cys Ser Pro Ile Ala Pro Pro Pro Pro Ala Pro	
65 70 75	
gtc aat ggg tca gtc ttt att gcg ctg ctt cga aga ttc gac tgc aac	531
Val Asn Gly Ser Val Phe Ile Ala Leu Leu Arg Arg Phe Asp Cys Asn	
80 85 90	
ttt gac ctc aag gtc cta aat gcc cag aag gct gga tat ggt gcc gct	579
Phe Asp Leu Lys Val Leu Asn Ala Gln Lys Ala Gly Tyr Gly Ala Ala	

95	100	105	
gta gta cac aat gtg aat tcc aat gaa ctt ctg aac atg gtg tgg aat			627
Val Val His Asn Val Asn Ser Asn Glu Leu Leu Asn Met Val Trp Asn			
110	115	120	125
agt gag gaa atc cag cag cag atc tgg atc ccg tct gta ttt att ggg			675
Ser Glu Glu Ile Gln Gln Gln Ile Trp Ile Pro Ser Val Phe Ile Gly			
	130	135	140
gag aga agc tcc gag tac ctg cgt gcc ctc ttt gtc tac gag aag ggg			723
Glu Arg Ser Ser Glu Tyr Leu Arg Ala Leu Phe Val Tyr Glu Lys Gly			
	145	150	155
gct cgg gtg ctt ctg gtt cca gac aat acc ttc ccc ttg ggc tat tac			771
Ala Arg Val Leu Leu Val Pro Asp Asn Thr Phe Pro Leu Gly Tyr Tyr			
	160	165	170
ctc atc cct ttc aca ggg att gtg gga ctg ctg gtt ttg gcc atg gga			819
Leu Ile Pro Phe Thr Gly Ile Val Gly Leu Leu Val Leu Ala Met Gly			
	175	180	185
gca gta atg ata gct cgt tgt atc cag cac cgg aaa cgg ctc cag cgg			867
Ala Val Met Ile Ala Arg Cys Ile Gln His Arg Lys Arg Leu Gln Arg			
190	195	200	205
aat cga ctt acc aaa gag caa ctg aaa cag att cct aca cat gac tat			915
Asn Arg Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys Gln Ile Pro Thr His Asp Tyr			
	210	215	220
cag aag gga gac cag tat gat gtc tgt gcc att tgc ctg gat gaa tat			963
Gln Lys Gly Asp Gln Tyr Asp Val Cys Ala Ile Cys Leu Asp Glu Tyr			
	225	230	235
gag gat ggg gac aag ctg cgg gta ctc ccc tgt gct cat gcc tac cac			1011
Glu Asp Gly Asp Lys Leu Arg Val Leu Pro Cys Ala His Ala Tyr His			
	240	245	250
agc cgc tgc gtg gac ccc tgg ctc act cag acc cgg aag acc tgc ccc			1059



<211> 3059

<213> Homo sapience

—

<221> CDS

<222> (230)...(850)

<400> 23

cctggctccc gccagccgtg ggattaggct tcgccggcta cgattgcggc ccccatcttc 60
 tgacttttcc tcgtgtgacc catcttttca aattccctta cctgaggaag gagcccgatt 120
 acaaggatat ttacctgctc ctacctgat ctagggacga ggatgggaag accgcctgtg 180
 gccatgagcc ctccccgtg ctccctggggc taaggctggg gctgcagcc atg ggg ctg 238

Met Gly Leu

1

ggt cag ccc cag gcc tgg ttg ctg ggt ctg ccc aca gct gtg gtc tat 286
 Gly Gln Pro Gln Ala Trp Leu Leu Gly Leu Pro Thr Ala Val Val Tyr

5

10

15

ggc tcc ctg gct ctc ttc acc acc atc ctg cac aat gtc ttc ctg ctc 334
 Gly Ser Leu Ala Leu Phe Thr Thr Ile Leu His Asn Val Phe Leu Leu

20

25

30

35

tac tat gtg gac acc ttt gtc tca gtg tac aag atc aac aaa atg gcc 382
 Tyr Tyr Val Asp Thr Phe Val Ser Val Tyr Lys Ile Asn Lys Met Ala

40

45

50

ttc tgg gtc gga gag aca gtg ttt ctc ctc tgg aac agc ctc aat gac 430
 Phe Trp Val Gly Glu Thr Val Phe Leu Leu Trp Asn Ser Leu Asn Asp

55

60

65

ccc ctc ttc ggt tgg ctc agt gac cgg cag ttc ctc agc tcc cag ccc 478
 Pro Leu Phe Gly Trp Leu Ser Asp Arg Gln Phe Leu Ser Ser Gln Pro

70

75

80

cgg gga aga gat cta ccc tgg ctt ggc ttg gtt ggc ccc tct gga ctg 526
 Arg Gly Arg Asp Leu Pro Trp Leu Gly Leu Val Gly Pro Ser Gly Leu

85

90

95

tgg act gca aac acc ctc tgc tgc ttc tgg aag att cct ttg ccc cat 574
 Trp Thr Ala Asn Thr Leu Cys Cys Phe Trp Lys Ile Pro Leu Pro His

100	105	110	115	
ccc tgc ttg agc ccg tca tca ccc cca acc ttg aga agt ggg cat ccc				622
Pro Cys Leu Ser Pro Ser Ser Pro Pro Thr Leu Arg Ser Gly His Pro				
	120	125	130	
ata ccc ttt ggc cat cag ccc aac agg cta ata agg ggg tgg aaa ttg				670
Ile Pro Phe Gly His Gln Pro Asn Arg Leu Ile Arg Gly Trp Lys Leu				
	135	140	145	
ggg cag agg agg aga gtg tac cca ctg gtc agg cgc cgg gct ctc ctc				718
Gly Gln Arg Arg Arg Val Tyr Pro Leu Val Arg Arg Arg Ala Leu Leu				
	150	155	160	
aag ggc tgt ggt gct ggc ccg ggt gca ggc cct ggg ctg gca tgg gcc				766
Lys Gly Cys Gly Ala Gly Pro Gly Ala Gly Pro Gly Leu Ala Trp Ala				
	165	170	175	
gct gct ggc gct gtc gtt cct ggc gtt ctg ggt gcc ctg ggc ccc agc				814
Ala Ala Gly Ala Val Val Pro Gly Val Leu Gly Ala Leu Gly Pro Ser				
180	185	190	195	
tgg cct gca gtt ctt gct gtg cct gtg cct cta tgatggcttc ctg				860
Trp Pro Ala Val Leu Ala Val Pro Val Pro Leu				
	200	205		
acgctcgtgg acctgcacca ccatgccttg ctggccgacc tggccctctc agcccacgac				920
cgcacccacc tcaacttcta ctgtccctc ttcagcgcgg ccggtccct ctctgtcttt				980
gcacccatg ccttttggaa caaggaggat ttctctcct tccgcgttt ctgcgtgaca				1040
ctggctgtca gctctgggct gggctttctg ggggccacac agctgctgag gcggcgggtt				1100
gaggcggccc gaaaggaccc aggggtgtca ggccgtgttg tggatagcgg cctgtgtgga				1160
gaggagctgc ttgtaggcag tgaggaggcg gacagcatca ccttgggccg gtatctccgg				1220
cagctggcac gccatcgga cttcctgttg ttctgtagca tggacctggt gcaggtcttc				1280
cactgccact tcaacagcaa cttcttccct ctcttcttgg agcatctgtt gtccgacct				1340
atctcccttt ccacgggctc catcctgttg ggccctcct atgtcgtcc ccattcaca				1400
aacctctact tctgtccct gtgccggcgc tggggcgtct acgcggtggt gcgggggctc				1460

ttcctgctca agctgggact tagcctgctc atgttggttg ccggcccga ccacctcagc	1520
ctgctgtgcc tcttcattgc cagcaaccgc gtcttcactg agggcacctg taagctgctg	1580
accttggtgg tcactgacct ggtagacgag gacctggtgc tgaaccaccg caagcaggca	1640
gcctcggcac tctcttttgg catggttgcc ttggtgacca agccaggcca gacctttgcc	1700
ccgctgctgg gcacctggct gctctgtttc tacacaggtc atgacctctt ccagcagtcc	1760
ctcataaccc ctgtggggag tgcccatccc tggccagagc cccagctcc agccccctgca	1820
caggccccga cgctccgcca gggctgcttc tacctgctgg tgctgggtgcc catcacctgt	1880
gctctgctgc agctcttcac ctgggtcccag ttacagctgc atgggagacg cctgcacatg	1940
gtcaaggccc agcgccagaa cctgtcacag gcccacccc tggatgttaa gatgggtgtga	2000
gagctgtggc aaggtcacc cactgaggat gctgctggca gcctggggaa ggagccagtt	2060
ttttttggtt ttttttttaa ggatttcata gttttttttt tttttttttg gagatgttgc	2120
ccaaaaaaat ggatctgttg cagtgggtgca atctgggctc actgaaacca ccaccaggt	2180
tcaagcaatt atcctgcctc agcttcccga gtaggtggga ttataggagc gtgccaccat	2240
gcccggctac tttttgtatt tttagtagag acagggtttc atcatgttgg ccaggctagt	2300
ctcaaacccc tgaccttagg tgatcagccc gcctcggcct cccagagtgc tgggattaca	2360
ggcgtgagcc actgtggcca acctaat ttt tgtattattt agtagagaca gggtttcacc	2420
acattggcca ggctggctc gaactcctga cctcaagtga tctgcctgcc ttggctctcc	2480
aaagtgtgg gaatacaggc atgagccacc gcactcggcc aggagctagt tttaccagca	2540
tctgtctcca ctgccttctt ctagtgcagc ctggaagaca tggcagcggg tagctcctgg	2600
ggctgagcca gaagcatcac tgcagtgaat gtctctgctt acctgtctgg ctacagcttg	2660
gcaagggtct ggccatatgt gctcaggac gtgcttctct tctaaggcag gaggatagaa	2720
gaggaccaag aaggaggagg gctgccctgt ggtgcacaca ggccctgcat ggggcgtggg	2780
agcccatccc gctgcctgac tggagctggc cgctgtgggt gactcaggaa ccacttttaa	2840
tactgcaact gctccctttt gccagtcag ggaaagctga ctgtaagtcc cacttcccac	2900
tccgtccacc ctctagtgg tttctctgag aggtttctct gcttcagctg tgcttgaagt	2960
ggcatgcctc ctctgctgca gggctcccc accccacac ggccctctaa gatgtttatt	3020
tccttataga ctgattaaag tcagccattc ttttctct	3059

【0 0 8 6】

<210> 24

<211> 2367

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (69)...(710)

<400> 24

aacttcctcg gccgagccgg gccgcgccgc cgctgccgcc gccgcgcgcg gattctgctt 60

ctcagaag atg cac tat tat aga tac tct aac gcc aag gtc agc tgc tgg 110

Met His Tyr Tyr Arg Tyr Ser Asn Ala Lys Val Ser Cys Trp

1 5 10

tac aag tac ctc ctt ttc agc tac aac atc atc ttc tgg ttg gct gga 158

Tyr Lys Tyr Leu Leu Phe Ser Tyr Asn Ile Ile Phe Trp Leu Ala Gly

15 20 25 30

gtt gtc ttc ctt gga gtc ggg ctg tgg gca tgg agc gaa aag ggt gtg 206

Val Val Phe Leu Gly Val Gly Leu Trp Ala Trp Ser Glu Lys Gly Val

35 40 45

ctg tcc gac ctc acc aaa gtg acc cgg atg cat gga atc gac cct gtg 254

Leu Ser Asp Leu Thr Lys Val Thr Arg Met His Gly Ile Asp Pro Val

50 55 60

gtg ctg gtc ctg atg gtg ggc gtg gtg atg ttc acc ctg ggg ttc gcc 302

Val Leu Val Leu Met Val Gly Val Val Met Phe Thr Leu Gly Phe Ala

65 70 75

ggc tgc gtg ggg gct ctg cgg gag aat atc tgc ttg ctc aac ttt aac 350

Gly Cys Val Gly Ala Leu Arg Glu Asn Ile Cys Leu Leu Asn Phe Asn

80 85 90

cag tgc tgt ggc gca tat ggc cct gaa gac tgg gac ctc aac gtc tac 398

Gln Cys Cys Gly Ala Tyr Gly Pro Glu Asp Trp Asp Leu Asn Val Tyr

95 100 105 110

ttc aat tgc agc ggt gcc agc tac agc cga gag aag tgc ggg gtc ccc	446
Phe Asn Cys Ser Gly Ala Ser Tyr Ser Arg Glu Lys Cys Gly Val Pro	
115 120 125	
ttc tcc tgc tgc gtg cca gat cct gcg caa aaa gtt gtg aac aca cag	494
Phe Ser Cys Cys Val Pro Asp Pro Ala Gln Lys Val Val Asn Thr Gln	
130 135 140	
tgt gga tat gat gtc agg att cag ctg aag agc aag tgg gat gag tcc	542
Cys Gly Tyr Asp Val Arg Ile Gln Leu Lys Ser Lys Trp Asp Glu Ser	
145 150 155	
atc ttc acg aaa ggc tgc atc cag gcg ctg gaa agc tgg ctc ccg cgg	590
Ile Phe Thr Lys Gly Cys Ile Gln Ala Leu Glu Ser Trp Leu Pro Arg	
160 165 170	
aac att tac att gtg gct ggc gtc ttc atc gcc atc tcg ctg ttg cag	638
Asn Ile Tyr Ile Val Ala Gly Val Phe Ile Ala Ile Ser Leu Leu Gln	
175 180 185 190	
ata ttt ggc atc ttc ctg gca agg acg ctg atc tca gac atc gag gca	686
Ile Phe Gly Ile Phe Leu Ala Arg Thr Leu Ile Ser Asp Ile Glu Ala	
195 200 205	
gtg aag gcc ggc cat cac ttc tgaggagcag agttgaggga gccgagctga gcc	740
Val Lys Ala Gly His His Phe	
210	
acgctgggag gccagagcct ttctctgcca tcagccctac gtccagaggg agaggagccg	800
acacccccag agccagtgcc ccatcttaag catcagcgtg acgtgacctc tctgtttctg	860
cttgctggtg ctgaagacca aggggtcccc ttgttacctg cccaaacttg tgactgcatc	920
cctctggagt ctacccagag acagagaatg tgtctttatg tgggagtggg gactctgaaa	980
gacagagagg gctcctgtgg ctgccaggag ggcttgactc agacccccctg cagctcaagc	1040
atgtctgcag gacaccctgg tccccctccc actggcatcc agacatctgc ttgggtcat	1100
ccacatctgt ggggtgggccc tgggtagagg gaccacagg cgtggacagg gcatctctct	1160
ccatcaagca aagcagcatg ggggcctgcc cgtaacggga ggcgagcgtg gccccgctgg	1220

gcctctgagt gccagcgcag tctgctggga catgcacata tcaggggttg tttgcaggat 1280
 cctcagccat gttcaagtga agtaagcctg agccagtgcg tggactgggt ccacgggagt 1340
 gccttgcca ctgtccccc tgtgccacca gctattctcc tggcgccgga actgcctctg 1400
 gtcttgatag cattaagccc tgatggcgcc ggtggcgcg tgggcatggt tcttcaactga 1460
 gagccggctc tccctttctt aaagtgtgta aatagtttat ttataggggt aagaatgttc 1520
 tcacaccatt tcaattcctc ttcctctcct ccagcattct cctctgagca gccttagata 1580
 gtgtccatgg ctggagccga ccccttgagt ccccttgagt gtcttaagaa ccagcccaca 1640
 acagcctctc tttctcctcc acatactgca gcctccctcc atgcatcca catacaagca 1700
 ctccccact cccagcgtg gcctcaactgt cttctgggtc tgggtgctact gaaattgtca 1760
 cccagaattt gaatcctgac cctccccact gcaagcccag ggagccccag cccaagatgg 1820
 ccagcctgaa actgttggcc agggtcctc ttgtggccat gtaccaggg ctggctggcc 1880
 tgccatttgc ctctccccgg agacagccgt tcttctgcaa ccacaccccg tgcctagcca 1940
 caaccccagg ctgcagctgc tcagaagctc caggcatitt gtttctggtg accgccccta 2000
 atgggataac ggtgatcact ggtccaccct tctgtcagg gcttttctgg ggctgctctt 2060
 ggaaatgaag tcttaagtac tgaataactc ccttggggat agctggggca tttgtctagc 2120
 tgggctactt tctaactt tgccatagct cagaccactt ctcatcgttc agggatggac 2180
 tgcaacctta atttacttgc cggagtgtac attctagtgt ggtgtatact ggtggctgtt 2240
 gatgatgatt ttttttttt ttttttacac aattctctgt agactaggag aagaatgctt 2300
 gtgtttttcg gaagtgtgat gcttctctt gactgccaaa ctcttttatg gaatatatct 2360
 ttatatt 2367

【 0 0 8 7 】

- <210> 25
- <211> 2355
- <212> DNA
- <213> Homo sapience
- <220>
- <221> CDS
- <222> (20)...(1807)
- <400> 25

agccgccc	aa gcgccc	gcc atg cgc gct gcc cgc gcc gcg ccg ctg ctc cag	52
Met Arg Ala Ala Arg Ala Ala Pro Leu Leu Gln			
1	5	10	
ctg ctg ctc ctg ctg ggg ccg tgg ctg gag gct gcg ggc gtt gcg gag	100		
Leu Leu Leu Leu Leu Gly Pro Trp Leu Glu Ala Ala Gly Val Ala Glu			
15	20	25	
tcg ccg ctg ccc gcc gtg gtc ctt gcc atc ctg gcc cgc aat gcc gaa	148		
Ser Pro Leu Pro Ala Val Val Leu Ala Ile Leu Ala Arg Asn Ala Glu			
30	35	40	
cac tcg ctg ccc cac tac ctg ggc gct ctg gag cgg ctg gac tac ccc	196		
His Ser Leu Pro His Tyr Leu Gly Ala Leu Glu Arg Leu Asp Tyr Pro			
45	50	55	
cgg gcc agg atg gcc ctc tgg tgt gcc acg gac cac aat gtg gac aac	244		
Arg Ala Arg Met Ala Leu Trp Cys Ala Thr Asp His Asn Val Asp Asn			
60	65	70	75
acc aca gag atg ctg cag gag tgg ctg gcg gct gtg ggc gat gac tat	292		
Thr Thr Glu Met Leu Gln Glu Trp Leu Ala Ala Val Gly Asp Asp Tyr			
80	85	90	
gct gct gtg gtc tgg agg cct gag ggc gag ccc agg ttc tac cca gat	340		
Ala Ala Val Val Trp Arg Pro Glu Gly Glu Pro Arg Phe Tyr Pro Asp			
95	100	105	
gaa gag ggt ccc aag cac tgg acc aaa gaa agg cac cag ttt ctg atg	388		
Glu Glu Gly Pro Lys His Trp Thr Lys Glu Arg His Gln Phe Leu Met			
110	115	120	
gag ctg aag cag gaa gcc ctc acc ttt gcc agg aac tgg ggg gcc gac	436		
Glu Leu Lys Gln Glu Ala Leu Thr Phe Ala Arg Asn Trp Gly Ala Asp			
125	130	135	
tat atc ctg ttt gca gac aca gac aac att ctg acc aac aat cag act	484		
Tyr Ile Leu Phe Ala Asp Thr Asp Asn Ile Leu Thr Asn Asn Gln Thr			

140	145	150	155	
ctg cgg ctt ctc atg ggg cag ggg ctt cca gtg gtg gcc cca atg ctg				532
Leu Arg Leu Leu Met Gly Gln Gly Leu Pro Val Val Ala Pro Met Leu				
	160	165	170	
gac tcc cag acc tac tac tcc aac ttc tgg tgt ggg atc acc ccc cag				580
Asp Ser Gln Thr Tyr Tyr Ser Asn Phe Trp Cys Gly Ile Thr Pro Gln				
	175	180	185	
ggc tac tac cgc cgc aca gcc gag tac ttc ccc acc aag aac cgc cag				628
Gly Tyr Tyr Arg Arg Thr Ala Glu Tyr Phe Pro Thr Lys Asn Arg Gln				
	190	195	200	
cgc cgg ggc tgc ttc cgt gtc ccc atg gtc cac tcc acc ttc ctt gca				676
Arg Arg Gly Cys Phe Arg Val Pro Met Val His Ser Thr Phe Leu Ala				
	205	210	215	
tcc ctg cgg gct gaa ggg gca gac cag ctt gct ttc tac ccg cca cat				724
Ser Leu Arg Ala Glu Gly Ala Asp Gln Leu Ala Phe Tyr Pro Pro His				
	220	225	230	235
ccc aac tac act tgg cct ttc gac gac atc atc gtc ttc gcc tat gcc				772
Pro Asn Tyr Thr Trp Pro Phe Asp Asp Ile Ile Val Phe Ala Tyr Ala				
	240	245	250	
tgc cag gct gct ggg gtc tcc gtc cac gtg tgc aat gag cac cgt tat				820
Cys Gln Ala Ala Gly Val Ser Val His Val Cys Asn Glu His Arg Tyr				
	255	260	265	
ggg tac atg aat gtg ccg gtg aaa tcc cac cag ggg ctg gaa gac gag				868
Gly Tyr Met Asn Val Pro Val Lys Ser His Gln Gly Leu Glu Asp Glu				
	270	275	280	
agg gtc aac ttc atc cac ctg atc tta gaa gca cta gtg gac ggc ccc				916
Arg Val Asn Phe Ile His Leu Ile Leu Glu Ala Leu Val Asp Gly Pro				
	285	290	295	
cgc atg cag gcc tca gct cat gtg act cgg ccc tct aag agg ccc agc				964

Arg Met Gln Ala Ser Ala His Val Thr Arg Pro Ser Lys Arg Pro Ser	
300	305 310 315
aag ata ggg ttt gac gag gtc ttt gtc atc agc ctg gct cgc agg cct	1012
Lys Ile Gly Phe Asp Glu Val Phe Val Ile Ser Leu Ala Arg Arg Pro	
320 325 330	
gac cgt cgg gaa cgc atg ctc gcc tcg ctc tgg gag atg gag atc tct	1060
Asp Arg Arg Glu Arg Met Leu Ala Ser Leu Trp Glu Met Glu Ile Ser	
335 340 345	
ggg agg gtg gtg gac gct gtg gat ggc tgg atg ctc aac agc agt gcc	1108
Gly Arg Val Val Asp Ala Val Asp Gly Trp Met Leu Asn Ser Ser Ala	
350 355 360	
atc agg aac ctc ggc gta gac ctg ctc ccg ggc tac cag gac cct tac	1156
Ile Arg Asn Leu Gly Val Asp Leu Leu Pro Gly Tyr Gln Asp Pro Tyr	
365 370 375	
tcg ggc cgc act ctg acc aag ggc gag gtg ggc tgc ttc ctc agc cat	1204
Ser Gly Arg Thr Leu Thr Lys Gly Glu Val Gly Cys Phe Leu Ser His	
380 385 390 395	
tac tcc atc tgg gaa gag gtg gtt gcc agg ggc ctg gcc cgg gtc ctg	1252
Tyr Ser Ile Trp Glu Glu Val Val Ala Arg Gly Leu Ala Arg Val Leu	
400 405 410	
gtg ttt gag gat gac gtg cgc ttt gag agc aac ttc agg ggg cgg ctg	1300
Val Phe Glu Asp Asp Val Arg Phe Glu Ser Asn Phe Arg Gly Arg Leu	
415 420 425	
gag cgg ctg atg gag gat gtg gag gca gag aaa ctg tct tgg gac ctg	1348
Glu Arg Leu Met Glu Asp Val Glu Ala Glu Lys Leu Ser Trp Asp Leu	
430 435 440	
atc tac ctc gga cgg aag cag gtg aac cct gag aag gag acg gcc gtg	1396
Ile Tyr Leu Gly Arg Lys Gln Val Asn Pro Glu Lys Glu Thr Ala Val	
445 450 455	

gag ggg ctg ccg ggc ctg gtg gtg gct ggg tac tcc tac tgg acg ctg	1444
Glu Gly Leu Pro Gly Leu Val Val Ala Gly Tyr Ser Tyr Trp Thr Leu	
460 465 470 475	
gcc tat gcc ctg cgt ctg gcg ggt gcc cgc aag ctg ctg gcc tca cag	1492
Ala Tyr Ala Leu Arg Leu Ala Gly Ala Arg Lys Leu Leu Ala Ser Gln	
480 485 490	
cct ctg cgc cgc atg ctg ccc gtg gac gag ttc ctg ccc atc atg ttc	1540
Pro Leu Arg Arg Met Leu Pro Val Asp Glu Phe Leu Pro Ile Met Phe	
495 500 505	
gac cag cac ccc aac gag cag tac aag gca cac ttc tgg cca cgg gac	1588
Asp Gln His Pro Asn Glu Gln Tyr Lys Ala His Phe Trp Pro Arg Asp	
510 515 520	
ctg gtg gcc ttc tcc gcc cag ccc ctg ctc gct gcc cct acc cac tat	1636
Leu Val Ala Phe Ser Ala Gln Pro Leu Leu Ala Ala Pro Thr His Tyr	
525 530 535	
gcc ggg gac gcc gag tgg ctc agt gac acg gag aca tcc tct cca tgg	1684
Ala Gly Asp Ala Glu Trp Leu Ser Asp Thr Glu Thr Ser Ser Pro Trp	
540 545 550 555	
gat gat gac agc ggc cgc ctc atc agc tgg agc ggc tcc caa aag acc	1732
Asp Asp Asp Ser Gly Arg Leu Ile Ser Trp Ser Gly Ser Gln Lys Thr	
560 565 570	
ctg cgc agc ccc cgc ctg gac ctg act ggc agc agc ggg cac agc ctc	1780
Leu Arg Ser Pro Arg Leu Asp Leu Thr Gly Ser Ser Gly His Ser Leu	
575 580 585	
caa ccc cag ccc cga gat gag ctc taggtccagg tgatgactgc aaagca	1830
Gln Pro Gln Pro Arg Asp Glu Leu	
590 595	
gtgtccagga gcaggccact actgccaga gagcagagga ggaggttggt ggcagggact	1890
gcagatcctg tcagacctgg ccaccacatt gggcatggcc actctgccct ctggacctgt	1950

ctttcatcgg gagaaaccac tcagagatgg atcccatccc cttaaaggctt cacagcaaag 2010
 gagcaggact cccaggcccc tgtaccctgc ctggcctgat tcagggcctt gtggccccc 2070
 gcttctgttt caagctgggc agaccccagg atcccttccc tccctaagga ctcagctgag 2130
 ggccccctct gcccccttct acctccacct cagcaccctc ccccagcttg atgtttgggt 2190
 ctccccagca cctcctccc tggccggtgc aaagtacagg gaggtaaagc aggacccttg 2250
 cagacatgtt gccagcaca cagtaggccc tcaataaaag ccatttgcac tttaaata 2310
 tataatgtatg tatatatatg tatatatata tatatatata tatgt 2355

[0 0 8 8]

<210> 26

<211> 1024

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (27)...(821)

<400> 26

cggaatggaag ctccggccgc ggagtg atg gtg gcc tca gcg aag atg ggc cgg 53

Met Val Ala Ser Ala Lys Met Gly Arg

1

5

gca ggg acc atg gcg gtg gca gca gag ctt cga gag ctg tgc cca gga 101

Ala Gly Thr Met Ala Val Ala Ala Glu Leu Arg Glu Leu Cys Pro Gly

10

15

20

25

gtg aac aac cag ccc tac ctc tgt gag agt ggt cac tgc tgc ggg gag 149

Val Asn Asn Gln Pro Tyr Leu Cys Glu Ser Gly His Cys Cys Gly Glu

30

35

40

act ggc tgc tgc acc tac tac tat gag ctc tgg tgg ttc tgg ctg ctc 197

Thr Gly Cys Cys Thr Tyr Tyr Tyr Glu Leu Trp Trp Phe Trp Leu Leu

45

50

55

tgg act gtc ctc atc ctc ttt agc tgc tgt tgc gcc ttc cgc cac cga 245

Trp Thr Val Leu Ile Leu Phe Ser Cys Cys Cys Ala Phe Arg His Arg	
60 65 70	
cga gct aaa ctc agg ctg caa caa cag cag cgg cag cgt gaa atc aac	293
Arg Ala Lys Leu Arg Leu Gln Gln Gln Gln Arg Gln Arg Glu Ile Asn	
75 80 85	
ttg ttg gcc tat cat ggg gca tgc cat ggg gct ggt cct ttc cct acc	341
Leu Leu Ala Tyr His Gly Ala Cys His Gly Ala Gly Pro Phe Pro Thr	
90 95 100 105	
ggt tca ctg ctt gac ctt cgc ttc ctc agc acc ttc aag ccc cca gcc	389
Gly Ser Leu Leu Asp Leu Arg Phe Leu Ser Thr Phe Lys Pro Pro Ala	
110 115 120	
tac gag gat gtg gtt cac cgc cca ggc aca cca ccc ccc cct tat act	437
Tyr Glu Asp Val Val His Arg Pro Gly Thr Pro Pro Pro Pro Tyr Thr	
125 130 135	
gtg gcc cca ggc cgc ccc ttg act gct tcc agt gaa caa acc tgc tgt	485
Val Ala Pro Gly Arg Pro Leu Thr Ala Ser Ser Glu Gln Thr Cys Cys	
140 145 150	
tcc tcc tca tcc agc tgc cct gcc cac ttt gaa gga aca aat gtg gaa	533
Ser Ser Ser Ser Ser Cys Pro Ala His Phe Glu Gly Thr Asn Val Glu	
155 160 165	
ggt gtt tcc tcc cac cag agt gcc ccc ccc cat cag gag ggt gag ccc	581
Gly Val Ser Ser His Gln Ser Ala Pro Pro His Gln Glu Gly Glu Pro	
170 175 180 185	
ggg gca ggg gtg acc cct gcc tcc aca ccc ccc tcc tgc cgc tat cgc	629
Gly Ala Gly Val Thr Pro Ala Ser Thr Pro Pro Ser Cys Arg Tyr Arg	
190 195 200	
cgt tta act ggc gac tcc ggt att gag ctc tgc cct tgt cct gcc tcc	677
Arg Leu Thr Gly Asp Ser Gly Ile Glu Leu Cys Pro Cys Pro Ala Ser	
205 210 215	

ggt gag ggt gag cca gtc aag gag gtg agg gtt agt gcc acc ctg cca 725
Gly Glu Gly Glu Pro Val Lys Glu Val Arg Val Ser Ala Thr Leu Pro

220 225 230

gat ctg gag gac tac tcc ccg tgt gca cta ccc cca gag tct gta ccg 773
Asp Leu Glu Asp Tyr Ser Pro Cys Ala Leu Pro Pro Glu Ser Val Pro

235 240 245

cag atc ttt ccc atg ggg ctg tct tcc agt gaa ggg gac atc cca 818
Gln Ile Phe Pro Met Gly Leu Ser Ser Ser Glu Gly Asp Ile Pro

250 255 260

ta agtagttttg agaggggtgga tgggttactt gccaccaga aacagcccta 870
gtcccaactc ctgctgttcc ttggccctt ccctgcctac ctagaatctg cctgaaaggg 930
ctggagaggg gcagtattgg gggactgtgc tagctttacc cccgcaggac atacacagga 990
gcctttgatc tcattaaaga gatgtgaacc agct 1024

【0 0 8 9】

<210> 27

<211> 1237

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (24)...(1055)

<400> 27

tactggctac tggcgctgca gcc atg cag ccc ccg ccc ccg ggc ccg ctg ggc 53

Met Gln Pro Pro Pro Pro Gly Pro Leu Gly

1 5 10

gac tgc ctg cgg gac tgg gag gat cta cag cag gac ttc cag aac atc 101
Asp Cys Leu Arg Asp Trp Glu Asp Leu Gln Gln Asp Phe Gln Asn Ile

15 20 25

cag gag acc cat cgg ctc tac cgc ctg aag ctg gag gag ctg acc aaa 149

Gln Glu Thr His Arg Leu Tyr Arg Leu Lys Leu Glu Glu Leu Thr Lys	
30 35 40	
ctt cag aac aat tgc acc agc tcc atc acg cgg cag aag aag cgg ctc	197
Leu Gln Asn Asn Cys Thr Ser Ser Ile Thr Arg Gln Lys Lys Arg Leu	
45 50 55	
cag gag ctg gcc ctc gcc ctg aag aaa tgc aaa ccc tcc ctc cca gca	245
Gln Glu Leu Ala Leu Ala Leu Lys Lys Cys Lys Pro Ser Leu Pro Ala	
60 65 70	
gag gcc gag ggg gcc gca cag gag ctg gag aac cag atg aaa gag cgc	293
Glu Ala Glu Gly Ala Ala Gln Glu Leu Glu Asn Gln Met Lys Glu Arg	
75 80 85 90	
caa ggc ctc ttc ttt gac atg gag gcc tat ttg cct aag aag aat gga	341
Gln Gly Leu Phe Phe Asp Met Glu Ala Tyr Leu Pro Lys Lys Asn Gly	
95 100 105	
ttg tac ctg agc ctg gtt ctg ggg aac gtc aac gtc acg ctc ctg agc	389
Leu Tyr Leu Ser Leu Val Leu Gly Asn Val Asn Val Thr Leu Leu Ser	
110 115 120	
aag cag gct aag ttt gcc tac aag gac gag tat gag aag ttc aag ctc	437
Lys Gln Ala Lys Phe Ala Tyr Lys Asp Glu Tyr Glu Lys Phe Lys Leu	
125 130 135	
tac ctc acc atc atc ctc atc ctc atc tcc ttc act tgc cgc ttc ctg	485
Tyr Leu Thr Ile Ile Leu Ile Leu Ile Ser Phe Thr Cys Arg Phe Leu	
140 145 150	
ctc aac tcc agg gtg aca gat gct gcc ttc aac ttc ctg ctg gtc tgg	533
Leu Asn Ser Arg Val Thr Asp Ala Ala Phe Asn Phe Leu Leu Val Trp	
155 160 165 170	
tac tac tgc acc ctg acc atc cgg gag agc atc ctc atc aac aac ggc	581
Tyr Tyr Cys Thr Leu Thr Ile Arg Glu Ser Ile Leu Ile Asn Asn Gly	
175 180 185	

tcc cgg atc aaa ggc tgg tgg gtg ttc cat cac tac gtg tcc acc ttc	629
Ser Arg Ile Lys Gly Trp Trp Val Phe His His Tyr Val Ser Thr Phe	
190 195 200	
ctg tcg gga gtc atg ctg acg tgg ccc gac ggt ctc atg tac cag aaa	677
Leu Ser Gly Val Met Leu Thr Trp Pro Asp Gly Leu Met Tyr Gln Lys	
205 210 215	
ttc cgg aac caa ttc ctc tcc ttt tcc atg tac cag agc ttc gtg cag	725
Phe Arg Asn Gln Phe Leu Ser Phe Ser Met Tyr Gln Ser Phe Val Gln	
220 225 230	
ttt ctc cag tac tac tac cag agc ggc tgc ctc tac cgc ctg cgg gcg	773
Phe Leu Gln Tyr Tyr Tyr Gln Ser Gly Cys Leu Tyr Arg Leu Arg Ala	
235 240 245 250	
ctg ggc gag cgg cac acc atg gac ctc act gtg gag ggc ttc cag tcc	821
Leu Gly Glu Arg His Thr Met Asp Leu Thr Val Glu Gly Phe Gln Ser	
255 260 265	
tgg atg tgg cgg ggc ctc acc ttc ctg ctg cct ttt ctt ttc ttt gga	869
Trp Met Trp Arg Gly Leu Thr Phe Leu Leu Pro Phe Leu Phe Phe Gly	
270 275 280	
cac ttc tgg cag ctt ttt aac gcg ctg acg ttg ttc aac ctg gcc cag	917
His Phe Trp Gln Leu Phe Asn Ala Leu Thr Leu Phe Asn Leu Ala Gln	
285 290 295	
gac cct cag tgc aag gag tgg cag gtg ctt atg tgc ggc ttt ccc ttc	965
Asp Pro Gln Cys Lys Glu Trp Gln Val Leu Met Cys Gly Phe Pro Phe	
300 305 310	
ctc ctc ctt ttc ctc ggc aat ttc ttc acc acc ctg agg gtt gtg cac	1013
Leu Leu Leu Phe Leu Gly Asn Phe Phe Thr Thr Leu Arg Val Val His	
315 320 325 330	
cac aag ttt cac agt cag cgg cac ggg agc aag aag gat tgaggctg	1060
His Lys Phe His Ser Gln Arg His Gly Ser Lys Lys Asp	

335

340

ggccttcccc tgccggccca gaggggcttc tgtcctgtgt gttgtgggag gggatgggag 1120
gcgccccctcg agtgtgcgtg taccaggggg tctcttctat tctcccttgg gttttatggg 1180
cgctgtgggc cctgaaggaa gacctgggcc cagtgccctc aataaagaga ggcccag 1237

【0 0 9 0】

<210> 28

<211> 1332

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (39)...(773)

<400> 28

agtgccccag cggaagcaca gctcagagct ggtctgcc atg gac atc ctg gtc cca 56

Met Asp Ile Leu Val Pro

1

5

ctc ctg cag ctg ctg gtg ctg ctt ctt acc ctg ccc ctg cac ctc atg 104

Leu Leu Gln Leu Leu Val Leu Leu Leu Thr Leu Pro Leu His Leu Met

10

15

20

gct ctg ctg ggc tgc tgg cag ccc ctg tgc aaa agc tac ttc ccc tac 152

Ala Leu Leu Gly Cys Trp Gln Pro Leu Cys Lys Ser Tyr Phe Pro Tyr

25

30

35

ctg atg gcc gtg ctg act ccc aag agc aac cgc aag atg gag agc aag 200

Leu Met Ala Val Leu Thr Pro Lys Ser Asn Arg Lys Met Glu Ser Lys

40

45

50

aaa cgg gag ctc ttc agc cag ata aag ggg ctt aca gga gcc tcc ggg 248

Lys Arg Glu Leu Phe Ser Gln Ile Lys Gly Leu Thr Gly Ala Ser Gly

55

60

65

70

aaa gtg gcc cta ctg gag ctg ggc tgc gga acc gga gcc aac ttt cag 296

Lys Val Ala Leu Leu Glu Leu Gly Cys Gly Thr Gly Ala Asn Phe Gln	
75	80
85	
ttc tac cca ccg ggc tgc agg gtc acc tgc cta gac cca aat ccc cac	344
Phe Tyr Pro Pro Gly Cys Arg Val Thr Cys Leu Asp Pro Asn Pro His	
90	95
100	
ttt gag aag ttc ctg aca aag agc atg gct gag aac agg cac ctc caa	392
Phe Glu Lys Phe Leu Thr Lys Ser Met Ala Glu Asn Arg His Leu Gln	
105	110
115	
tat gag cgg ttt gtg gtg gct cct gga gag gac atg aga cag ctg gct	440
Tyr Glu Arg Phe Val Val Ala Pro Gly Glu Asp Met Arg Gln Leu Ala	
120	125
130	
gat ggc tcc atg gat gtg gtg gtc tgc act ctg gtg ctg tgc tct gtg	488
Asp Gly Ser Met Asp Val Val Val Cys Thr Leu Val Leu Cys Ser Val	
135	140
145	150
cag agc cca agg aag gtc ctg cag gag gtc cgg aga gta ctg aga ccg	536
Gln Ser Pro Arg Lys Val Leu Gln Glu Val Arg Arg Val Leu Arg Pro	
155	160
165	
gga ggt gtg ctc ttt ttc tgg gag cat gtg gca gaa cca tat gga agc	584
Gly Gly Val Leu Phe Phe Trp Glu His Val Ala Glu Pro Tyr Gly Ser	
170	175
180	
tgg gcc ttc atg tgg cag caa gtt ttc gag ccc acc tgg aaa cac att	632
Trp Ala Phe Met Trp Gln Gln Val Phe Glu Pro Thr Trp Lys His Ile	
185	190
195	
ggg gat ggc tgc tgc ctc acc aga gag acc tgg aag gat ctt gag aac	680
Gly Asp Gly Cys Cys Leu Thr Arg Glu Thr Trp Lys Asp Leu Glu Asn	
200	205
210	
gcc cag ttc tcc gaa atc caa atg gaa cga cag ccc cct ccc ttg aag	728
Ala Gln Phe Ser Glu Ile Gln Met Glu Arg Gln Pro Pro Pro Leu Lys	
215	220
225	230

tgg cta cct gtt ggg ccc cac atc atg gga aag gct gtc aaa taatctttc 780
Trp Leu Pro Val Gly Pro His Ile Met Gly Lys Ala Val Lys

235

240

caagctccaa ggcactcatt tgctccttcc ccagcctcca attagaacaa gccacccacc 840
agcctatcta tcttccactg agagggacct agcagaatga gagaagacat tcatgtacca 900
cctactagtc cctctctccc caacctctgc cagggaatc tctaacttca atccccctt 960
cgacagtga aaagctctac ttctacgtg acccaggag gaaacactag gacctgttg 1020
tatectcaac tgcaagtttc tggactagtc tcccaacgtt tgcttccaa tgttgtcct 1080
ttccttcgtt cccatggtaa agctcctctc gctttcctcc tgaggctaca cccatgcgtc 1140
tctaggaact ggtcacaaaa gtcattgtgc ctgcatcct gccaaagccc cctgaccctc 1200
tctccccact accaccttct tctgagctg ggggcaccag ggagaatcag agatgctggg 1260
gatgccagag caagactcaa agaggcagag gttttgttct caaatatttt ttaataaata 1320
gacgaaacca cg 1332

【0 0 9 1】

<210> 29

<211> 1932

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (38)...(949)

<400> 29

agaccccgcc tgctcgggcg cgggcggcgg cgcggcc atg aag ctg aag ctg aag 55
Met Lys Leu Lys Leu Lys

1

5

aac gtg ttt ctc gcc tac ttc ctg gtg tgg atc gcc ggc ctc ctc tac 103
Asn Val Phe Leu Ala Tyr Phe Leu Val Ser Ile Ala Gly Leu Leu Tyr

10

15

20

gcg ctg gta cag ctc ggc cag cca tgt gac tgc ctt cct ccc ctg cgg 151

Ala Leu Val Gln Leu Gly Gln Pro Cys Asp Cys Leu Pro Pro Leu Arg	
25 30 35	
gca gca gcc gag cag cta cgg cag aag gat ctg agg att tcc cag ctg	199
Ala Ala Ala Glu Gln Leu Arg Gln Lys Asp Leu Arg Ile Ser Gln Leu	
40 45 50	
caa gcg gaa ctc cga cgg cca ccc cct gcc cct gcc cag ccc cct gaa	247
Gln Ala Glu Leu Arg Arg Pro Pro Pro Ala Pro Ala Gln Pro Pro Glu	
55 60 65 70	
ccc gag gcc ctg cct act atc tat gtt gtt acc ccc acc tat gcc agg	295
Pro Glu Ala Leu Pro Thr Ile Tyr Val Val Thr Pro Thr Tyr Ala Arg	
75 80 85	
ccc ctg tgg gtg cag tac cct cag gat gtg act acc ttc aat ata gat	343
Pro Leu Trp Val Gln Tyr Pro Gln Asp Val Thr Thr Phe Asn Ile Asp	
90 95 100	
gat cag tac ttg ctt ggg gat gcg ttg ctg gtt cac cct gta tca gac	391
Asp Gln Tyr Leu Leu Gly Asp Ala Leu Leu Val His Pro Val Ser Asp	
105 110 115	
tct gga gcc cat ggt gtc cag gtc tat ctg cct ggc caa ggg gag gtg	439
Ser Gly Ala His Gly Val Gln Val Tyr Leu Pro Gly Gln Gly Glu Val	
120 125 130	
tgg tat gac att caa agc tac cag aag cat cat ggt ccc cag acc ctg	487
Trp Tyr Asp Ile Gln Ser Tyr Gln Lys His His Gly Pro Gln Thr Leu	
135 140 145 150	
tac ctg cct gta act cta agc agt atc cct gtg ttc cag cgt gga ggg	535
Tyr Leu Pro Val Thr Leu Ser Ser Ile Pro Val Phe Gln Arg Gly Gly	
155 160 165	
aca atc gtg cct cga tgg atg cga gtg cgg cgg tct tca gaa tgt atg	583
Thr Ile Val Pro Arg Trp Met Arg Val Arg Arg Ser Ser Glu Cys Met	
170 175 180	

aag gat gac ccc atc act ctc ttt gtt gca ctt agc cct cag ggt aca	631
Lys Asp Asp Pro Ile Thr Leu Phe Val Ala Leu Ser Pro Gln Gly Thr	
185 190 195	
gct caa gga gag ctc ttt ctg gat gat ggg cac acg ttc aac tat cag	679
Ala Gln Gly Glu Leu Phe Leu Asp Asp Gly His Thr Phe Asn Tyr Gln	
200 205 210	
act cgc caa gag ttc ctg ctg cgt cga ttc tca ttc tct ggc aac acc	727
Thr Arg Gln Glu Phe Leu Leu Arg Arg Phe Ser Phe Ser Gly Asn Thr	
215 220 225 230	
ctt gtc tcc agc tca gca gac cct gaa gga cac ttt gag aca cca atc	775
Leu Val Ser Ser Ser Ala Asp Pro Glu Gly His Phe Glu Thr Pro Ile	
235 240 245	
tgg att gag cgg gtg gtg ata ata ggg gct gga aag cca gca gct gtg	823
Trp Ile Glu Arg Val Val Ile Ile Gly Ala Gly Lys Pro Ala Ala Val	
250 255 260	
gta ctc cag aca aaa gga tct cca gaa agc cgc ctg tcc ttc cag cat	871
Val Leu Gln Thr Lys Gly Ser Pro Glu Ser Arg Leu Ser Phe Gln His	
265 270 275	
gac cct gag acc tct gtg ttg gtc ctg cgc aag cct ggc atc aat gtg	919
Asp Pro Glu Thr Ser Val Leu Val Leu Arg Lys Pro Gly Ile Asn Val	
280 285 290	
gca tct gat tgg agt att cac ctg cga taaccaagg gatgttctgg gtta	970
Ala Ser Asp Trp Ser Ile His Leu Arg	
295 300	
gggggaggga aggggagcat tagtgctgag agatattctt tcttctgcct tggagttcgg	1030
ccctccccag acttcactta tgctagtcta agaccagat tctgccaaca tttgggcagg	1090
atgagagggc tgacctggg ctccaaattc ctcttgtgat ctctcacct ctcccactcc	1150
attgatacca actctttccc ttcatctccc caacatcctg ttgctctaac tggagcacat	1210
tcacttacga acaccaggaa accacagggc ccttgctgcc ccttctcttt cccttattta	1270

ggagccctga actccccag agtctatcca ttcattgcctc ttgtatgttg atgccacttc 1330
 ttggaagaag atgagggcaa tgagttaggg ctccttttcc ccttccctcc caccagattg 1390
 ctcctccacc tttcatttct tcttccaggc tttactcccc tttttatgcc ccaccgatac 1450
 actgggacca ccccttacc cggacaggat gaattgatca aaggagttag gttgctaaag 1510
 aacatccctt tccctctcat tctacccttt tctctctccc gattccttgt agagctgctg 1570
 caattcttag aggggcagtt ctacctctc tgtccctcgg cagaaagacg ttccacacc 1630
 tcttagggga tgcgcattaa acttcttttg ccccttctt gtccctttg aggggcactt 1690
 aagatggaga aatcagttgt ggtttcagtg aatcatggc acctgtattt attgctagga 1750
 gaagcctgag ggtgggggga gatgatcatg tgtgctcggg gttggctgga agccctgggt 1810
 ggggggttgg gggaggacta atggggagtc ggggaatatt tgtgggtatt tttttactt 1870
 cctcttggtt cccagctgtg acacgttttg atcaaaggag aaacaataaa gggataaacc 1930
 at 1932

【0 0 9 2】

<210> 30

<211> 1124

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (73)...(555)

<400> 30

ggaagagccg tcaacttagc gagcgcaaca ggctgccgct gaggagctgg agctgggtgg 60
 gactgggccg ca atg gac aag ctg aag aag gtg ctg agc ggg cag gac acg 111

Met Asp Lys Leu Lys Lys Val Leu Ser Gly Gln Asp Thr

1

5

10

gag gac cgg agc ggc ctg tcc gag gtt gtt gag gca tct tca tta agc 159

Glu Asp Arg Ser Gly Leu Ser Glu Val Val Glu Ala Ser Ser Leu Ser

15

20

25

tgg agt acc agg ata aaa ggc ttc att gcg tgt ttt gct ata gga att 207

Trp Ser Thr Arg Ile Lys Gly Phe Ile Ala Cys Phe Ala Ile Gly Ile	
30 35 40 45	
ctc tgc tca ctg ctg ggt act gtt ctg ctg tgg gtg ccc agg aag gga	255
Leu Cys Ser Leu Leu Gly Thr Val Leu Leu Trp Val Pro Arg Lys Gly	
50 55 60	
cta cac ctc ttc gca gtg ttt tat acc ttt ggt aat atc gca tca att	303
Leu His Leu Phe Ala Val Phe Tyr Thr Phe Gly Asn Ile Ala Ser Ile	
65 70 75	
ggg agt acc atc ttc ctc atg gga cca gtg aaa cag ctg aag cga atg	351
Gly Ser Thr Ile Phe Leu Met Gly Pro Val Lys Gln Leu Lys Arg Met	
80 85 90	
ttt gag cct act cgt ttg att gca act atc atg gtg ctg ttg tgt ttt	399
Phe Glu Pro Thr Arg Leu Ile Ala Thr Ile Met Val Leu Leu Cys Phe	
95 100 105	
gca ctt acc ctg tgt tct gcc ttt tgg tgg cat aac aag gga ctt gca	447
Ala Leu Thr Leu Cys Ser Ala Phe Trp Trp His Asn Lys Gly Leu Ala	
110 115 120 125	
ctt atc ttc tgc att ttg cag tct ttg gca ttg acg tgg tac agc ctt	495
Leu Ile Phe Cys Ile Leu Gln Ser Leu Ala Leu Thr Trp Tyr Ser Leu	
130 135 140	
tcc ttc ata cca ttt gca agg gat gct gtg aag aag tgt ttt gcc gtg	543
Ser Phe Ile Pro Phe Ala Arg Asp Ala Val Lys Lys Cys Phe Ala Val	
145 150 155	
tgt ctt gca taattcatgg ccagttttat gaagctttgg aaggcactat ggacagaa	600
Cys Leu Ala	
160	
gctggtggac agttttgtaa ctatcttcga aacctctgtc ttacagacat gtgcctttta	660
tcttgacagca atgtgttgct tgtgattcga acatttgagg gttacttttg gaagcaacaa	720
tacattctcg aacctgaatg tcagtagcac aggatgagaa gtgggttctg tatcttgtgg	780

```

agtggaatct tctcatgta cctgtttcct ctctggatgt tgtcccactg aattcccatg      840
aatacaaacc tattcagcaa cagcacataa gccttgggtg caagtgattc ccaggtggca      900
aaaggcagcc ccatcagaga tcacgggagc aacagtaagg gacagagttt tggggtccac      960
ttgtccctca gcatggaagc catcacctgt gtcctgcata gaggtagtct acttctactc     1020
tggcatctga gaacaagtga ctctgcttta gacaagcccc tggagagcct ggccatggag     1080
tgaggtagaa aagaagcact ttttggtggt atatgctgtt tctg                        1124

```

【0093】

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP02539がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図2】 クローンHP02770がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図3】 クローンHP02869がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図4】 クローンHP02956がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図5】 クローンHP02962がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図6】 クローンHP03014がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図7】 クローンHP10608がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図8】 クローンHP10609がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図9】 クローンHP10611がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

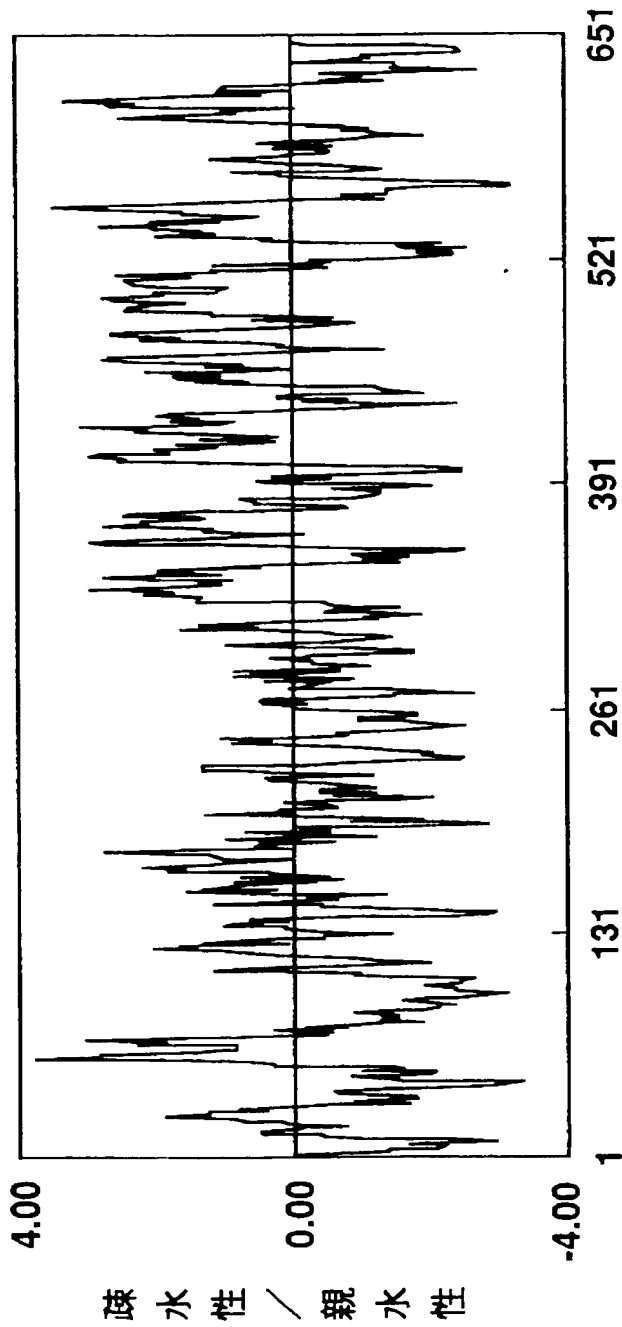
【図10】 クローンHP10617がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【書類名】

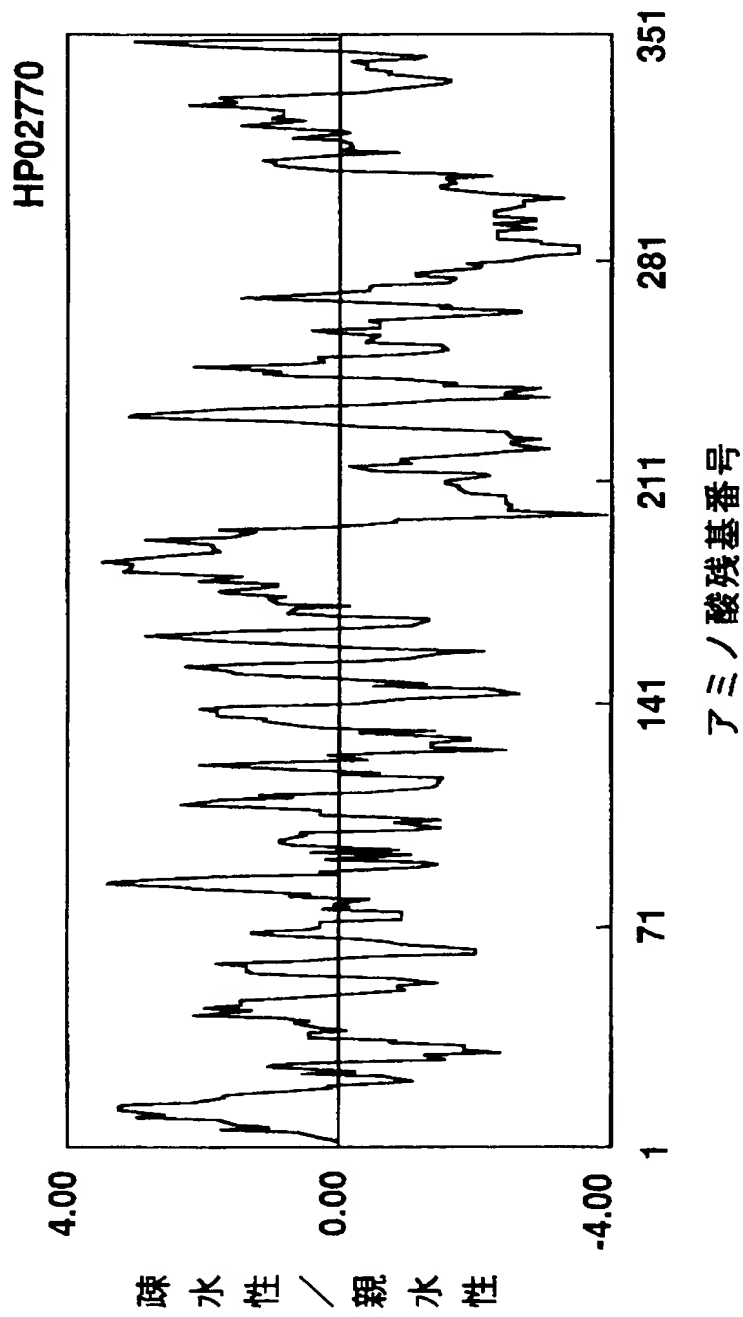
図面

【図1】

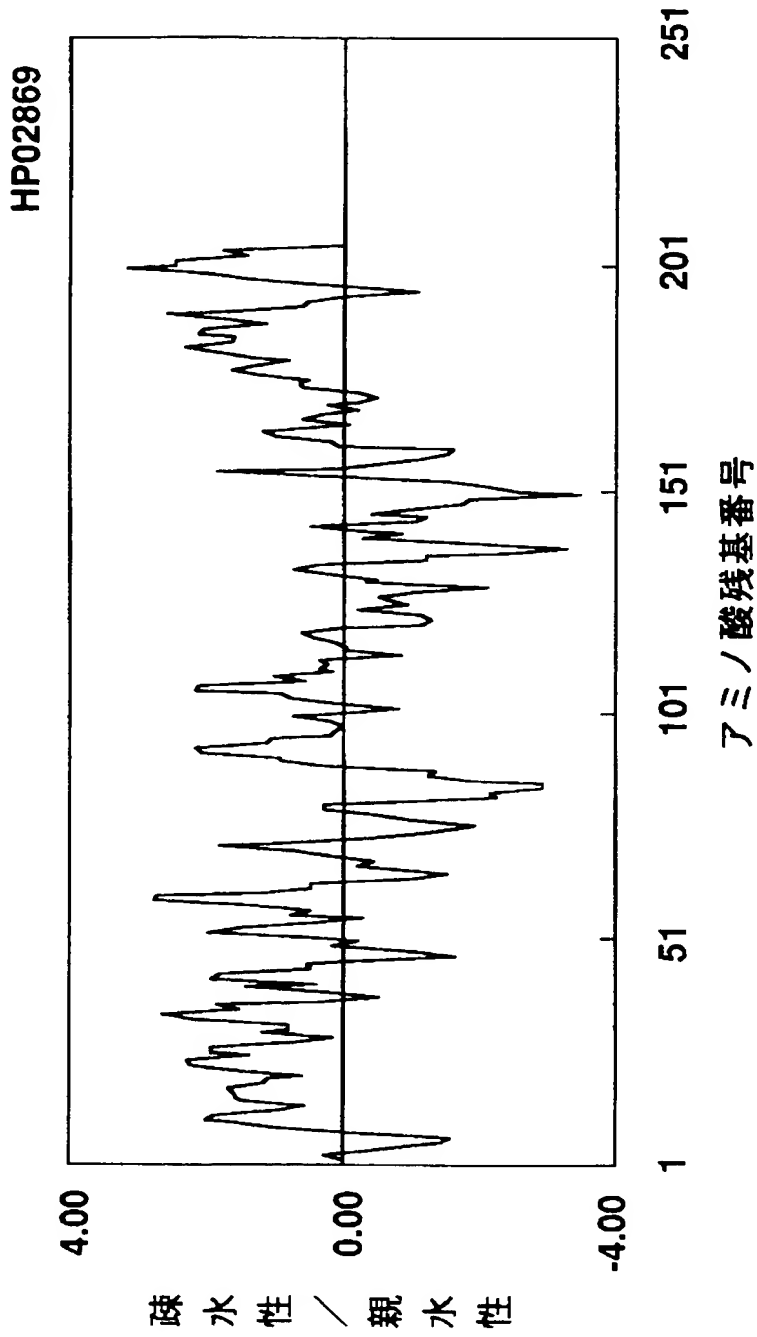
HP02539



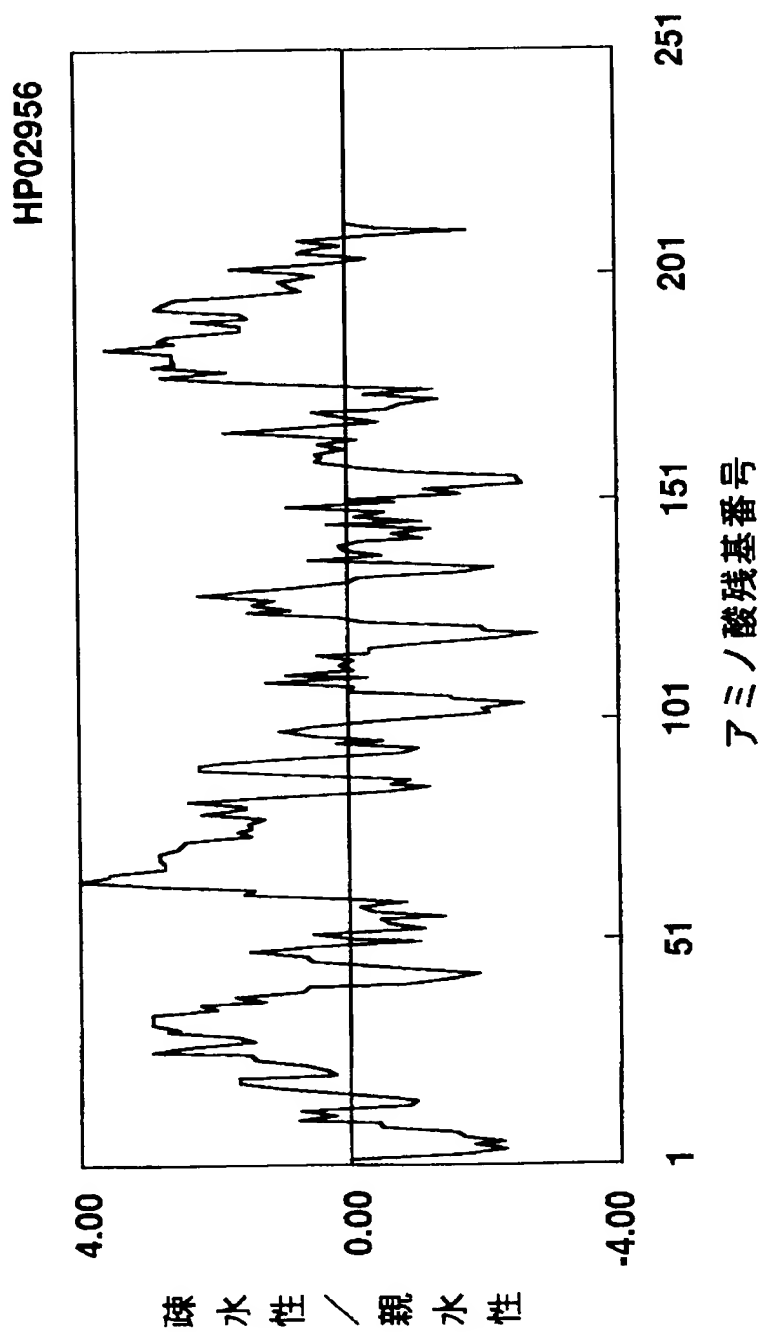
【図2】



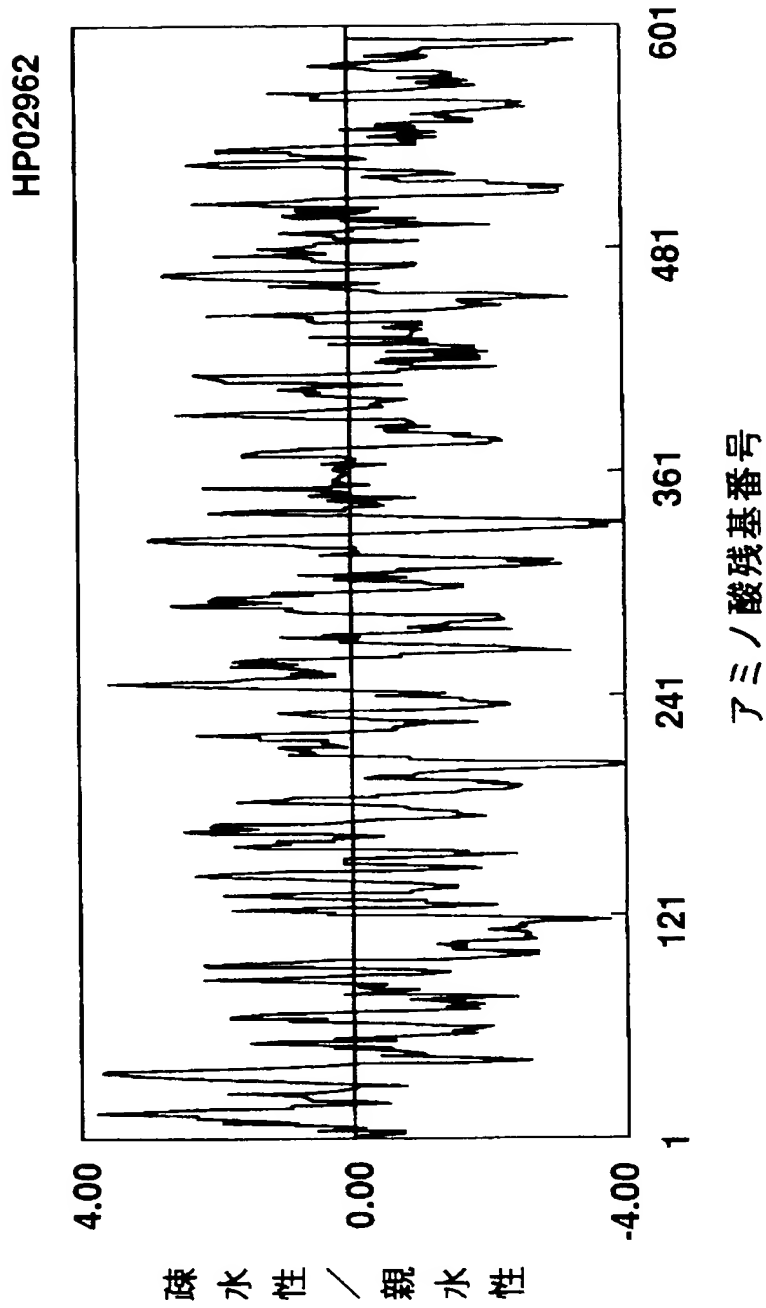
【図 3】



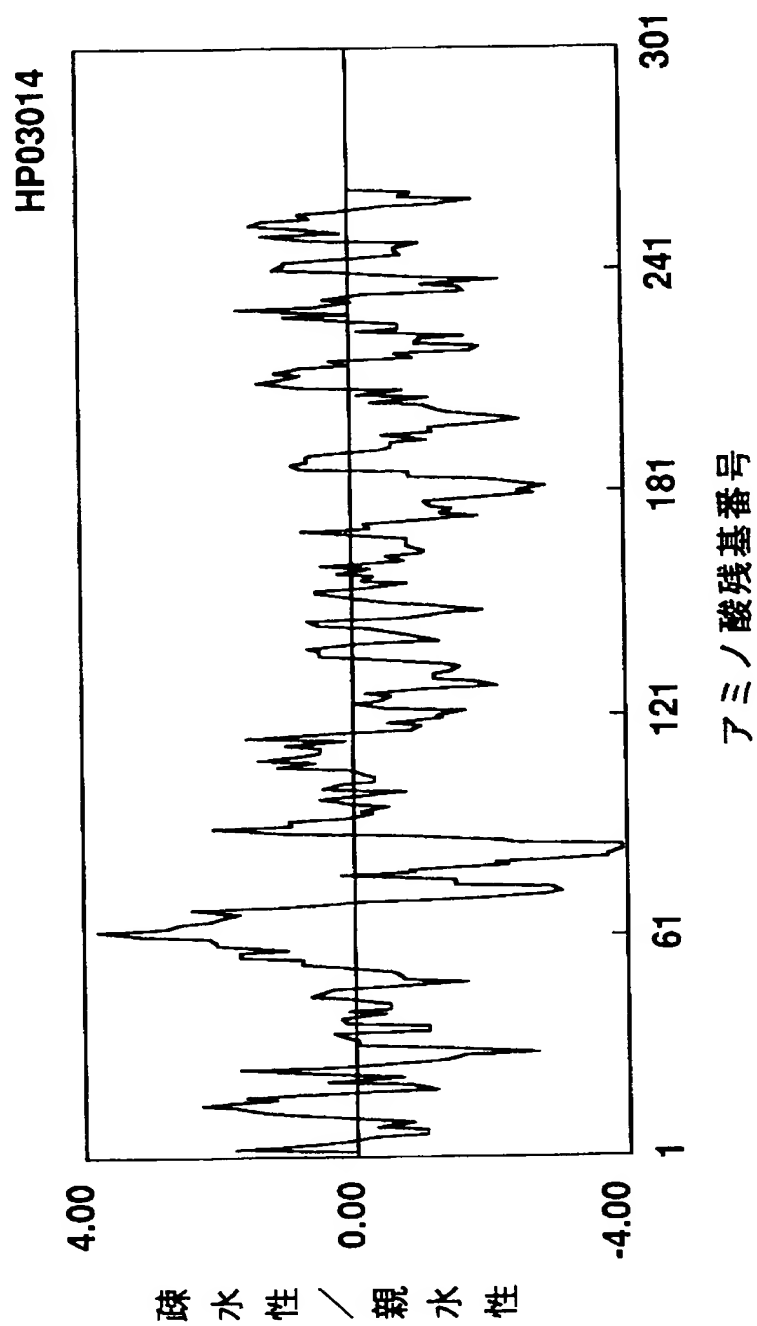
【図 4】



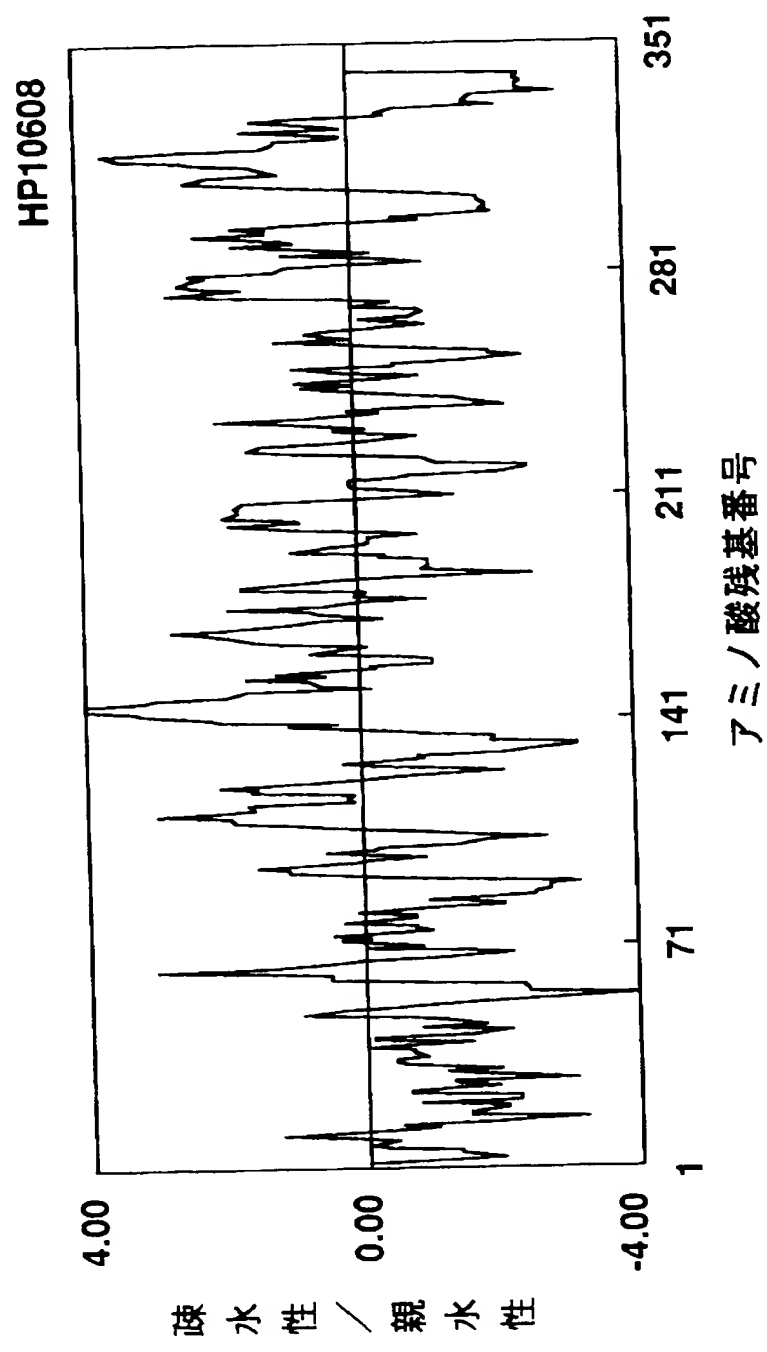
【図 5】



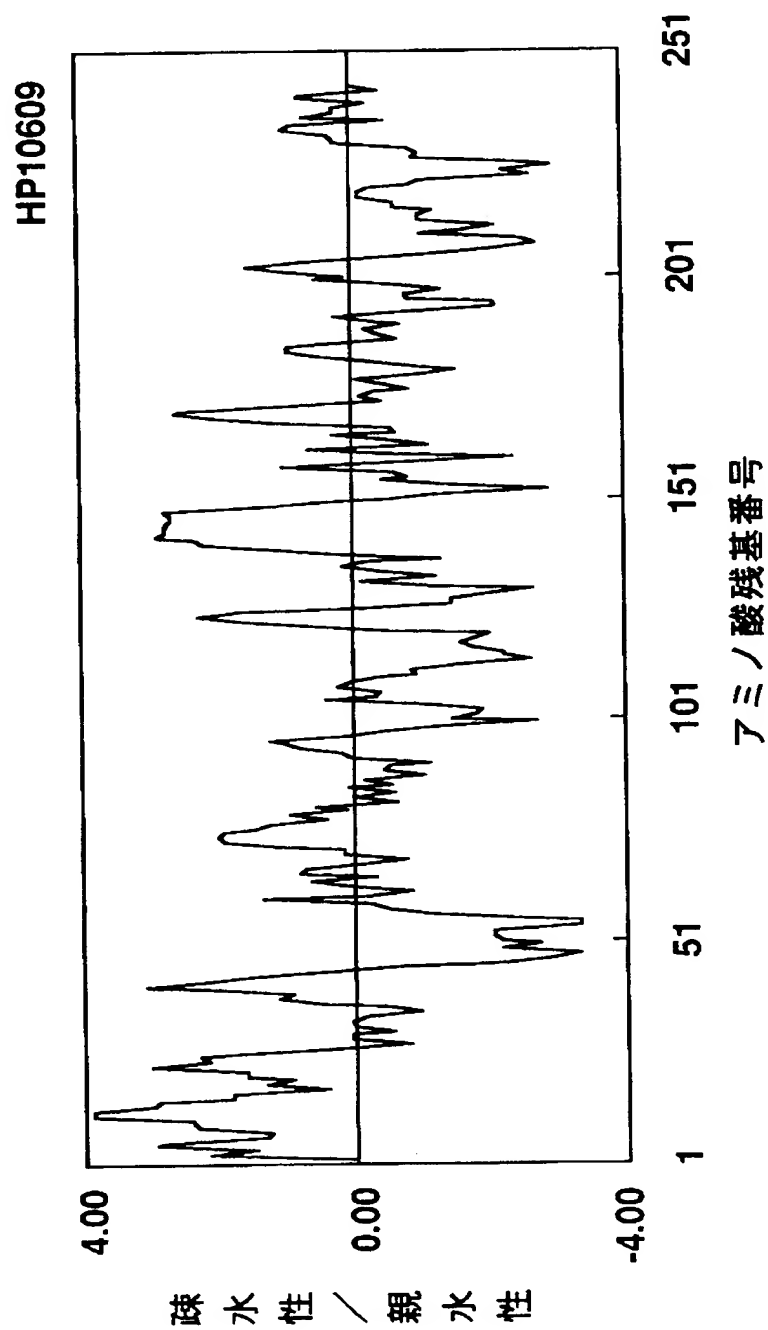
【図6】



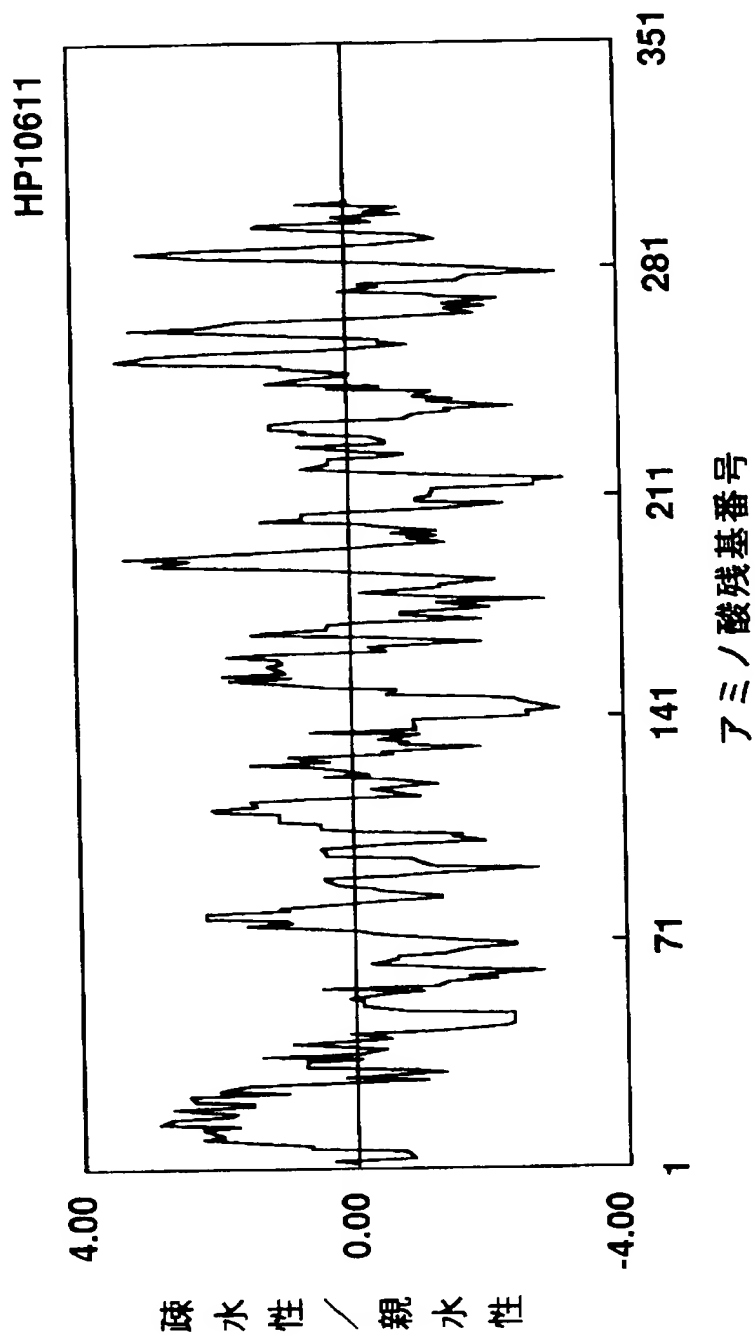
【図 7】



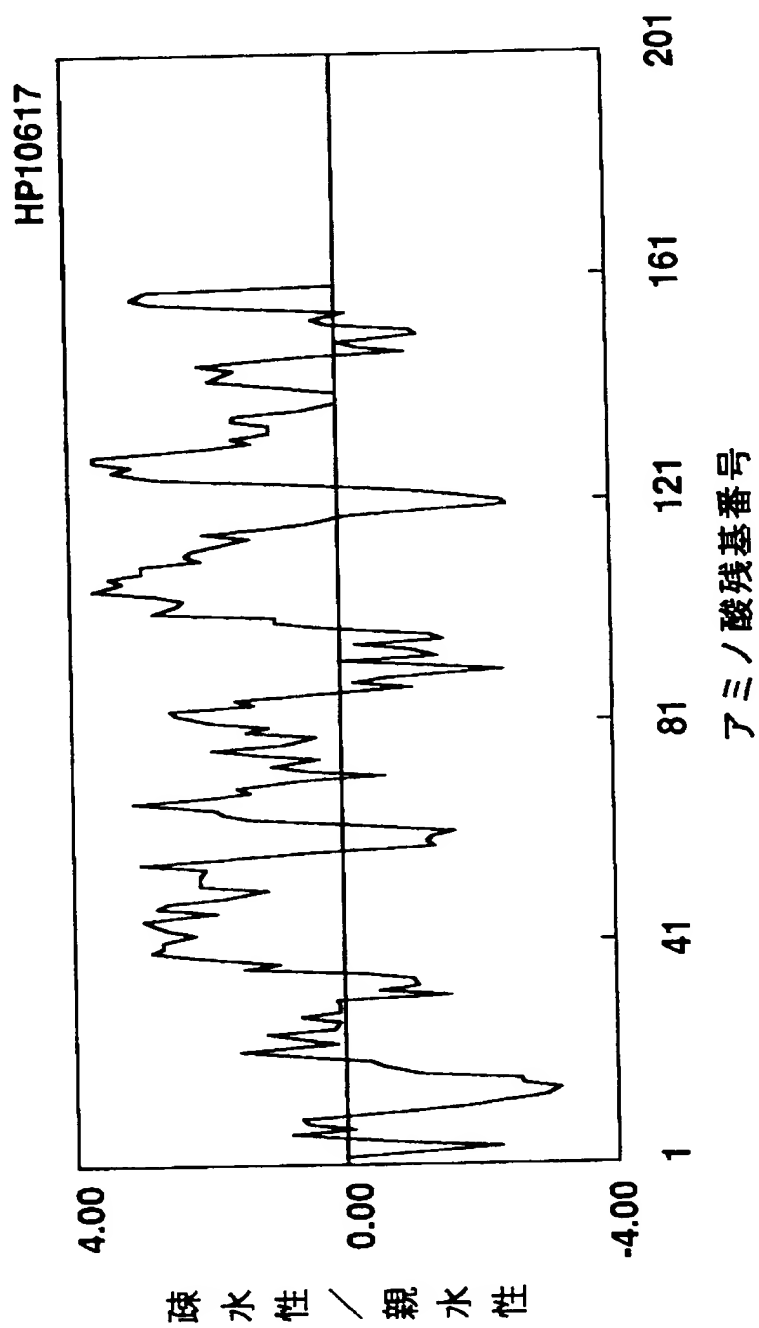
【図 8】



【図9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成10年 特許願 第326255号
受付番号	59800733764
書類名	特許願
担当官	寺内 文男 7068
作成日	平成11年 4月27日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日
[変更理由] 新規登録
住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名 株式会社プロテジーン